

## THESIS / THÈSE

### MASTER EN SCIENCES MATHÉMATIQUES

#### Modèles épidémiologiques à compartiments

DELFOSSÉ, Benjamin

*Award date:*  
2014

[Link to publication](#)

#### General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal ?

#### Take down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.



**UNIVERSITE DE NAMUR**

**Faculté des Sciences**

**MODELES EPIDEMIOLOGIQUES A COMPARTIMENTS**

**Mémoire présenté pour l'obtention  
du grade académique de master en Sciences mathématiques à finalité spécialisée**

Benjamin DELFOSSE

Promoteur : Anne LEMAITRE

Juin 2014



# Remerciements

Tout d'abord, je tiens à remercier mon promoteur, Anne Lemaître, tant pour ces qualités humaines que scientifiques. L'élaboration de ce mémoire n'a été possible que grâce à son soutien, sa disponibilité et ses encouragements.

Je remercie également l'ensemble des professeurs et assistants du département de mathématiques pour l'épanouissement que m'ont apporté ces études. J'ai apprécié cette expérience et j'en ressors grandi.

Je tiens spécialement à saluer tous mes amis pour leur appui, ils ont su me motiver lorsqu'il le fallait. Pour ne citer qu'eux, merci à Eve-Aline, Gaëlle et Martin.

Finalement, je tiens à remercier ma famille pour m'avoir supporté durant ces années d'étude.

# Résumé

Dans ce mémoire, nous nous intéressons à l'étude dynamique de modèles épidémiologiques à compartiments, permettant de représenter de façon qualitative l'évolution d'une épidémie au sein d'une population initialement saine, progressivement infectée et ensuite partiellement rétablie.

La construction de chaque modèle est expliquée pas à pas, du plus simple (modèle à deux compartiments  $SI$ ) aux plus complexes (modèles avec jusqu'à 6 compartiments). Le modèle le plus classique ( $SIR$ ) est étudié en détails afin de construire des outils intéressants comme le taux de reproduction basique et la relation de taille. Des modèles plus complexes sont ensuite construits, pour introduire des phénomènes plus fins tels que l'exposition à une maladie ou l'influence des interventions humaines pour enrayer la propagation des épidémies (comme le traitement, la vaccination ou la mise en quarantaine). Une composante spatiale est également ajoutée au modèle  $SIR$  pour prendre en compte le déplacement des individus ou la propagation d'une épidémie via des agents infectieux, au travers d'une équation aux dérivées partielles de diffusion, dans une seule direction, ou en coordonnées polaires, dans un certain rayon d'action.

De nombreux exemples historiques (épidémies de peste ou de grippes recensées) permettent d'illustrer ces modèles, d'en mesurer l'efficacité et dans certains cas, la surprenante précision malgré leur extrême simplicité.

**Mots-clefs :** Épidémiologie, modèle à compartiments, système dynamique, équation aux dérivées partielles, simulation numérique.

# Abstract

This master thesis focuses on the dynamical study of compartmental models in epidemiology ; they allow to represent the dynamical evolution of an epidemic in a population, progressively infested and partially recovering.

The construction of each model is explained step by step from the simplest (*SI* model with two compartments) to the most complex ones (models with up to 6 compartments). The most classical model (*SIR*) is studied in details to define some essential tools such as the basic reproduction number and the final size relation. More complex models are then built, to introduce subtle phenomenons like the exposure to disease and the human interventions to block epidemic spreads (treatment, vaccination and quarantine). A spatial component is likewise added to the *SIR* model to take into account the movement in the population or the spread of an epidemic by infectious agents, through a partial derivative diffusion equation, in a unique propagation direction, or in polar coordinates, in a specific area.

Numerous historical examples (data for plague and flu, for example) illustrate these models, measuring their efficiency, and in some cases, showing a surprising precision for their extreme simplicity.

**Keywords :** epidemic, compartmental models, dynamical system, partial differential equation, numerical simulation.

# Table des matières

<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>1 Construction de modèles épidémiologiques simples</b>	<b>2</b>
1.1 Modèles à deux compartiments . . . . .	3
1.1.1 Modèle $SI$ . . . . .	3
1.1.2 Modèle $SIS$ . . . . .	5
1.2 Modèles à trois compartiments . . . . .	8
1.2.1 Modèle $SIR$ . . . . .	8
1.2.2 Modèle $SIRS$ . . . . .	11
<b>2 Modèle de Kermack-McKendrick</b>	<b>14</b>
2.1 En termes de densité . . . . .	15
2.2 Taux de reproduction basique . . . . .	15
2.3 Taux de croissance exponentielle . . . . .	17
2.4 Portrait de phase . . . . .	18
2.5 Relation de taille . . . . .	19
2.6 Durée moyenne de la maladie . . . . .	21
2.7 Illustration : Eyam . . . . .	22
2.8 Modèle endémique . . . . .	25
2.8.1 Construction du modèle . . . . .	25
2.8.2 Analyse des équilibres . . . . .	27
<b>3 Construction de modèles épidémiologiques plus complexes</b>	<b>30</b>
3.1 Taux de reproduction basique . . . . .	30
3.1.1 Taux de reproduction contrôlé . . . . .	34
3.2 Modèles avec temps d'incubation . . . . .	35
3.2.1 Premier Modèle $SEIR$ . . . . .	35
3.2.2 Deuxième modèle $SEIR$ . . . . .	41
3.3 Interventions contre la propagation . . . . .	44
3.3.1 Modèles avec traitement . . . . .	44
3.3.2 Modèles avec vaccination . . . . .	46
3.3.3 Modèle avec mise en quarantaine . . . . .	52

<b>4</b>	<b>Modèles épidémiologiques avec diffusion dans l'espace</b>	<b>56</b>
4.1	Déplacement des individus . . . . .	56
4.1.1	Système adimensionnel . . . . .	60
4.1.2	Vague épidémique . . . . .	60
4.1.3	Illustration : la peste noire . . . . .	62
4.2	Propagation par des agents infectieux . . . . .	64
4.2.1	Illustration : la grippe H1N1 . . . . .	69
	<b>Conclusion</b>	<b>71</b>
	<b>Bibliographie</b>	<b>72</b>
	<b>Annexes</b>	<b>74</b>
A	Données sur Eyam . . . . .	75
B	Stabilité par rapport à $\mathcal{R}_0$ . . . . .	77
C	Diffusion des agents infectieux . . . . .	79



# Introduction

Depuis toujours, les maladies infectieuses sont une cause de mortalité chez l'homme. Un moyen de se prémunir contre les épidémies est de connaître leur évolution. Ainsi, dans les années 1930, William Ogilvy Kermack et Anderson Gray McKendrick ont proposé un modèle mathématique pour étudier la dynamique des épidémies. Ce modèle innovateur distingue alors les individus sains susceptibles d'attraper la maladie des individus déjà contaminés.

Les moyens disponibles pour lutter contre la propagation d'une épidémie sont nombreux avec par exemple la vaccination et les traitements. Cependant, ces méthodes sont parfois onéreuses et difficiles à mettre en place. Ainsi, l'analyse de modèles épidémiologiques peut aider à comprendre l'évolution d'une épidémie en fonction du type de maladie et des outils pour ralentir ou stopper sa progression. Cela permet donc de choisir la meilleure option pour éviter ou lutter contre une épidémie. Les services de santé étant de plus en plus performants, de nombreuses données sont disponibles pour la réalisation et le calibrage de modèles épidémiologiques.

Ce mémoire s'inscrit dans la théorie des systèmes dynamiques. Le premier chapitre est consacré à la construction des modèles les plus simples. Nous y définirons les bases pour exprimer la dynamique d'une épidémie sur des modèles à deux et trois compartiments. Dans le chapitre suivant, nous étudierons plus en détails le modèle de Kermack–McKendrick. Ce modèle est le plus célèbre et le plus utilisé pour sa simplicité et son réalisme. Nous poursuivrons dans le troisième chapitre avec la construction de modèles plus complexes. L'ajout de compartiments nous permettra alors de rendre compte du temps d'incubation des maladies et d'une série d'interventions humaines qui luttent contre la propagation des épidémies. Enfin, dans le dernier chapitre, nous ajouterons une dimension spatiale. Pour cela nous considérerons les déplacements des individus au travers d'équations aux dérivées partielles de diffusion. Nous ajouterons également un nouveau compartiment pour simuler une propagation par des agents infectieux, tels que les animaux ou les insectes.

# Chapitre 1

## Construction de modèles épidémiologiques simples

L'épidémiologie est une science qui étudie, au sein de populations (humaines, animales, voire végétales), la fréquence et la répartition des problèmes de santé dans le temps et dans l'espace, ainsi que le rôle des facteurs qui les déterminent[11]. Les modèles à compartiments consistent à séparer la population en plusieurs groupes qui interagissent entre eux. Ainsi, grâce aux modèles épidémiologiques à compartiments, nous pouvons analyser mathématiquement le déroulement d'épidémies en fonction de certains facteurs, tels que les taux d'infection et de guérison.

Nous construirons dans la première section des modèles épidémiologiques à deux compartiments. Ceux-ci étant les plus simples, ils sont également les moins réalistes. Dans les sections ultérieures, nous nous intéresserons aux modèles à trois compartiments avec, entre autres, le célèbre modèle de Kermack-McKendrick. Notons que l'ensemble de ce chapitre a été inspiré du livre [1] et de l'article [6].

Pour la construction de ces différents modèles, nous devons poser certaines hypothèses :

- la population est homogène, tous les individus ont la même probabilité de contracter l'infection,
- le nombre total d'individus est constant,
- la maladie se transmet uniquement d'un individu à l'autre.

L'hypothèse sur le nombre total d'individus peut se formuler de deux manières différentes : soit nous avons les mêmes individus pendant toute la durée de l'épidémie, soit la population change mais conserve une natalité égale au taux de mortalité. Nous prendrons généralement la première hypothèse qui semble plus réaliste pour des épidémies de courte durée. La deuxième hypothèse est utilisée pour modéliser les endémies comme dans la section 2.8.

## 1.1 Modèles à deux compartiments

Les modèles d'épidémies à deux compartiments sont les plus simples. Les individus sont séparés en deux groupes suivant qu'ils soient infectés ou non. Ces modèles sont donc composés de deux compartiments :

- un groupe d'individus sains susceptibles d'être infectés,
- un groupe d'individus infectés.

Le nombre d'individus de ces groupes est amené à varier au cours du temps. Ainsi, nous nommerons ces quantités  $S(t)$  et  $I(t)$  représentant respectivement les nombres d'individus sains et infectés. Les modèles sont donc baptisés  $SI$  et  $SIS$ . Il est évident que ces quantités sont positives. Rappelons que la somme de tous les individus est constante,

$$\forall t \quad S(t) + I(t) = N, \quad (1.1)$$

où  $N$  est une constante représentant le nombre total d'individus.

### 1.1.1 Modèle $SI$

Dans le modèle  $SI$ , le seul mouvement possible entre les compartiments représente l'infection d'une personne saine. Ainsi, les individus qui sont contaminés le resteront ; nous traitons donc ici des maladies où il n'y a pas de guérison possible. Nous pouvons représenter ce modèle avec la FIGURE 1.1.

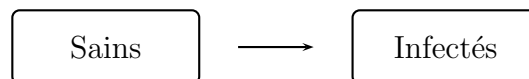


FIGURE 1.1 – Compartiments du modèle  $SI$

Ce modèle est le plus simple possible et ne s'applique qu'à un nombre très limité de maladies. Remarquons a priori que la seule issue possible à ce modèle semble être que l'ensemble de la population soit infectée. Nous le vérifions analytiquement à la fin de cette section.

Avant de pouvoir poser les équations du modèle  $SI$ , nous devons déterminer le taux de transfert entre les deux compartiments. Étant donné que le milieu est supposé homogène, nous pouvons considérer que le nombre d'individus sains qui sont contaminés est proportionnel au nombre d'individus infectés. De plus, ce taux est directement proportionnel au nombre d'individus sains et au laps de temps considéré. Nous obtenons donc, pour un intervalle de temps  $\Delta t$  :

$$\text{Taux de transfert sains/infectés} \propto S(t)I(t)\Delta t$$

En faisant tendre  $\Delta t$  vers 0, nous pouvons construire le système d'équations différentielles associé à la dynamique de l'épidémie,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t), \quad (1.2)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t)I(t), \quad (1.3)$$

où  $r$  est un réel positif.

La valeur  $r$  correspond au taux de contamination ou, autrement dit, au nombre d'individus sains qui sont contaminés par un seul individu infecté au cours d'une unité de temps.

Le système (1.2)-(1.3) a deux équilibres possibles :

- $(S^*, I^*) = (N, 0)$ , il n'y a aucun individu infecté,
- $(S^*, I^*) = (0, N)$ , toute la population est infectée.

Il est évident que, s'il n'y a aucun individu infecté au temps initial, l'épidémie ne peut pas commencer. Nous supposons donc que le nombre d'individus infectés au temps initial ne doit pas être nul. Nous obtenons les deux conditions initiales suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (1.4)$$

$$I(0) = I_0, \quad (1.5)$$

où  $S_0$  est positif et  $I_0$  est strictement positif.

En vertu de la conservation du nombre d'individus total dans la population, nous avons,

$$N = S_0 + I_0.$$

Nous pouvons remarquer que le point  $(0, N)$  est asymptotiquement stable. En effet, il est facile de voir comment évolue cette épidémie. Les quantités  $S(t)$  et  $I(t)$  étant tout le temps positives, le nombre d'individus sains va décroître jusqu'à atteindre 0. Le groupe des individus infectés va s'agrandir jusqu'à contenir toute la population. Par contre, l'équilibre  $(N, 0)$  est instable. Nous pouvons vérifier le comportement de ce modèle à la FIGURE 1.2 réalisée avec MATLAB et la fonction d'intégration *ode45*<sup>1</sup>.

Les paramètres choisis pour notre simulation sont tirés de la source [4]. La population initiale est de 763 individus sains et d'un seul individu infecté. Le taux d'infection,  $r$ , est de 2.18. Nous remarquons le comportement attendu, la population saine disparaît rapidement pour ne laisser que des individus infectés.

---

1. L'ensemble des intégrations numériques de ce mémoire sont réalisées avec la fonction *ode45*. Cette fonction est basée sur une méthode explicite de Runge-Kutta, voir [7].

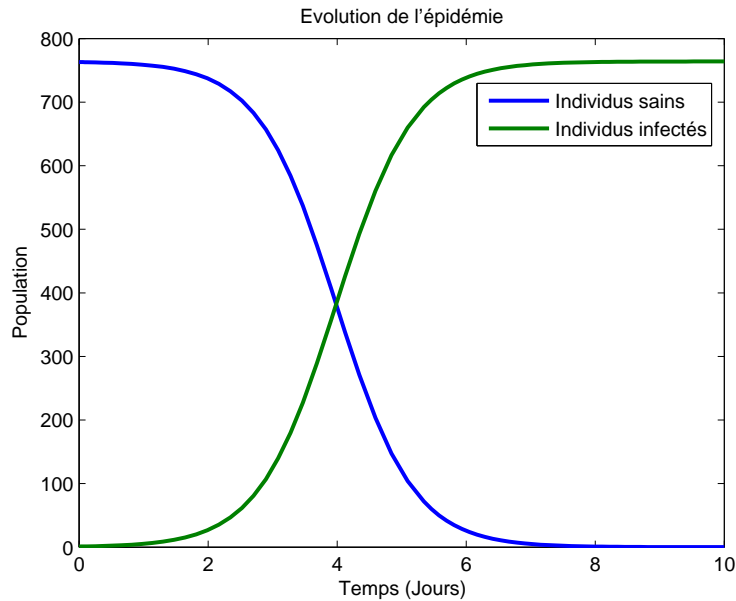


FIGURE 1.2 – Modèle  $SI$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$

Notons que ce type de modèle peut s'appliquer à d'autres problématiques, comme par exemple la diffusion d'une information. Les individus infectés représentent alors les personnes ayant été informées de la nouvelle et les individus sains celles l'ignorant encore. Dans le cas du modèle  $SI$ , l'information n'est jamais oubliée.

### 1.1.2 Modèle $SIS$

Dans le modèle  $SIS$ , nous considérons les mêmes compartiments que dans le modèle précédent mais les individus infectés peuvent maintenant guérir et ainsi redevenir des individus sains. Il s'en suit que ces individus peuvent, à nouveau, contracter la maladie. Ce modèle peut être représenté par le schéma à la FIGURE 1.3.

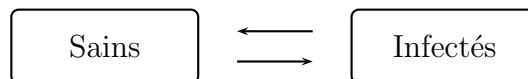


FIGURE 1.3 – Compartiments du modèle  $SIS$

Le taux d'infection est construit de la même manière que pour le modèle  $SI$ . Nous devons, en plus, évaluer le taux de guérison qui correspond au taux de transfert entre le compartiment des individus infectés et celui des individus sains. Ce taux est directement proportionnel au nombre d'individus infectés. Ainsi, nous obtenons :

$$\text{Taux de transfert infectés/sains} \propto I(t)\Delta t$$

Le modèle peut alors être décrit par les équations suivantes :

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t) + aI(t), \quad (1.6)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t)I(t) - aI(t), \quad (1.7)$$

où  $a$  et  $r$  sont des réels positifs.

La valeur  $a$  correspond au taux de guérison, donc à la proportion de la population infectée qui se rétablit au cours d'une unité de temps.

Dans un premier temps, nous pouvons calculer les équilibres de ce système,

$$\begin{aligned} 0 &= -rS^*I^* + aI^*, \\ 0 &= rS^*I^* - aI^*. \end{aligned}$$

Nous trouvons ainsi deux équilibres :

$$\begin{aligned} - (S^*, I^*) &= (N, 0), \\ - (S^*, I^*) &= \left(\frac{a}{r}, N - \frac{a}{r}\right). \end{aligned}$$

Comme pour le modèle précédent, le point d'équilibre trivial,  $(N, 0)$ , est présent. Le second point permet, cette fois, une situation où la maladie persiste sans contaminer tout le monde. Pour connaître la stabilité de ces points, calculons la matrice jacobienne aux points d'équilibres,

$$J(S(t), I(t)) = \begin{pmatrix} -rI(t) & -rS(t) + a \\ rI(t) & rS(t) - a \end{pmatrix}.$$

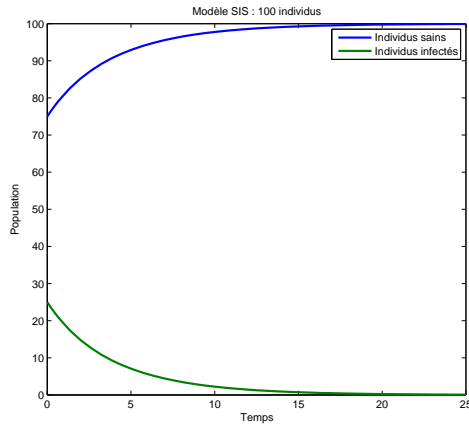
Nous pouvons alors évaluer les valeurs propres de cette matrice au point  $(N, 0)$ ,

$$\begin{aligned} \det(\lambda \text{ Id} - J(N, 0)) &= \det \begin{pmatrix} \lambda & rN - a \\ 0 & \lambda - rN + a \end{pmatrix} \\ &= \lambda(\lambda - rN + a) \\ &= 0 \end{aligned}$$

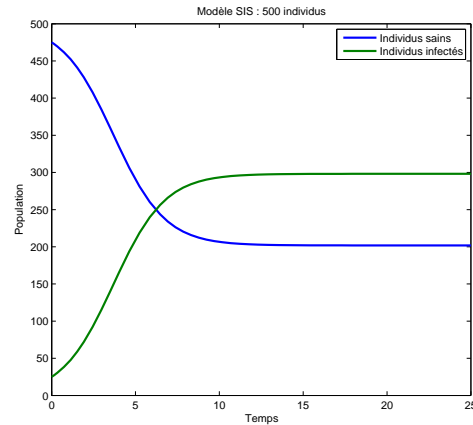
$$\implies \lambda_1 = 0 \text{ et } \lambda_2 = rN - a.$$

La stabilité dépend donc des paramètres  $r$ ,  $a$  et  $N$ . Le point d'équilibre trivial  $(N, 0)$  est stable si  $a > rN$  et instable si  $a < rN$ . Le second point,  $\left(\frac{a}{r}, N - \frac{a}{r}\right)$ , a la stabilité opposée à celle du premier. En plus de  $r$  et  $a$ , il est intéressant de remarquer que la stabilité dépend également du nombre d'individus présents dans la population. Les taux d'infection et de guérison dépendent principalement de la maladie qui est modélisée. Néanmoins, une même maladie peut avoir des comportements différents

selon la population dans laquelle elle se propage. Les graphes ci-dessous (FIGURES 1.4a et 1.4b) illustrent bien l'importance du nombre d'individus.



(a) Population de 100 individus



(b) Population de 500 individus

FIGURE 1.4 – Modèle  $SIS$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$  et  $a = 0.44$

Nous avons choisi  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$  et  $a = 0.44$  pour les deux intégrations numériques. Quand la population est de 100 individus (FIGURE 1.4a), l'épidémie tend à disparaître. Dans le cas où elle est de 500 individus (FIGURE 1.4b), le nombre de personnes infectées augmente jusqu'à se stabiliser aux alentours de 300.

Ce changement de comportement s'explique par le fait que si  $a > rN$ , le second point d'équilibre est hors du domaine de définition. Il ne reste alors que l'équilibre trivial. Dans le cas où  $a = rN$ , les deux équilibres sont superposés et stables.

Encore une fois, nous pouvons adapter ce modèle à la diffusion d'information. Le modèle  $SIS$  simule alors l'oubli de l'information après un certain temps.

Notons que ces deux modèles simples,  $SI$  et  $SIS$ , ne sont pas assez réalistes. Lorsque l'on guérit d'une maladie, on acquiert généralement une immunité temporaire ou définitive face à celle-ci. Nous pouvons néanmoins utiliser le modèle  $SIS$  dans les cas où la période d'immunité est négligeable.

## 1.2 Modèles à trois compartiments

Dans cette section, nous ajoutons un troisième compartiment aux modèles. Nous pouvons modéliser des infections contre lesquelles il est possible d'être immunisé après guérison, par exemple la varicelle. Dans cette optique, nous ajoutons un compartiment pour les individus rétablis qui sont alors immunisés.

Il est également possible que l'immunité ne dure qu'un certain temps. Dans ce cas, un individu rétabli qui perd son immunité sera considéré comme un individu sain pouvant être à nouveau infecté. Nous pouvons citer la grippe comme exemple de maladie utilisant ce modèle puisque nous ne sommes victimes de la grippe qu'une fois par an au maximum.

### 1.2.1 Modèle *SIR*

Le modèle *SIR*, très souvent appelé modèle de Kermack–McKendrick, peut être utilisé pour étudier de nombreuses maladies comme la rougeole, les oreillons ou encore la rubéole. Ce modèle est un bon compromis entre simplicité et réalisme. Ainsi, nous le construisons dans cette section mais y consacrerons dans le chapitre 2 pour l'étudier plus en détails.

Ce modèle compartimental est composé de trois classes d'individus distinctes,

- un groupe d'individus sains susceptibles d'être infectés,
- un groupe d'individus infectés,
- un groupe d'individus rétablis, ne pouvant plus être infectés.

Notons le nombre d'individus du troisième groupe, au temps  $t$ ,  $R(t)$ . Remarquons que, comme pour les modèles précédents, la somme de tous les individus est constante,

$$\forall t \quad S(t) + I(t) + R(t) = N, \quad (1.8)$$

où  $N$  représente le nombre total d'individus.

Les mouvements entre les différents compartiments correspondent à l'infection de personnes saines ou au rétablissement de personnes infectées. Notons que, dans ce modèle, les individus rétablis acquièrent l'immunité permanente face à la maladie. Nous pouvons schématiser cela avec la FIGURE 1.5.



FIGURE 1.5 – Compartiments du modèle *SIR*



Nous pouvons à présent construire notre modèle, le système d'équations différentielles suivant,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t), \quad (1.9)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t)I(t) - aI(t), \quad (1.10)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t), \quad (1.11)$$

où  $a$  et  $r$  sont des réels positifs.

L'équation (1.11) représente l'évolution du nombre d'individus rétablis. Nous remarquons que ce nombre ne peut qu'augmenter.

Ainsi, nous calculons les équilibres du système (1.9)-(1.11).

$$\begin{aligned} 0 &= -rS^*I^*, \\ 0 &= rS^*I^* - aI^*, \\ 0 &= aI^*. \end{aligned}$$

Nous observons que la seule solution est  $I^* = 0$ , ce qui signifie que plus aucun individu n'est infecté, il ne reste que des individus sains ou rétablis. Il est évident qu'une épidémie ne peut démarrer que si au moins un individu est infecté. Nous supposons donc que le nombre d'individus infectés au temps initial,  $I(0)$ , est strictement positif. Nous imposerons également que  $S(0)$  et  $R(0)$  soient positifs. Ainsi, nous obtenons les conditions initiales suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (1.12)$$

$$I(0) = I_0, \quad (1.13)$$

$$R(0) = R_0, \quad (1.14)$$

où  $S_0$  et  $R_0$  sont positifs et  $I_0$  est strictement positif.

Nous pouvons intégrer numériquement le modèle  $SIR$  comme à la FIGURE 1.6 ; pour cela, prenons comme paramètres  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$  et  $a = 0.44$ .

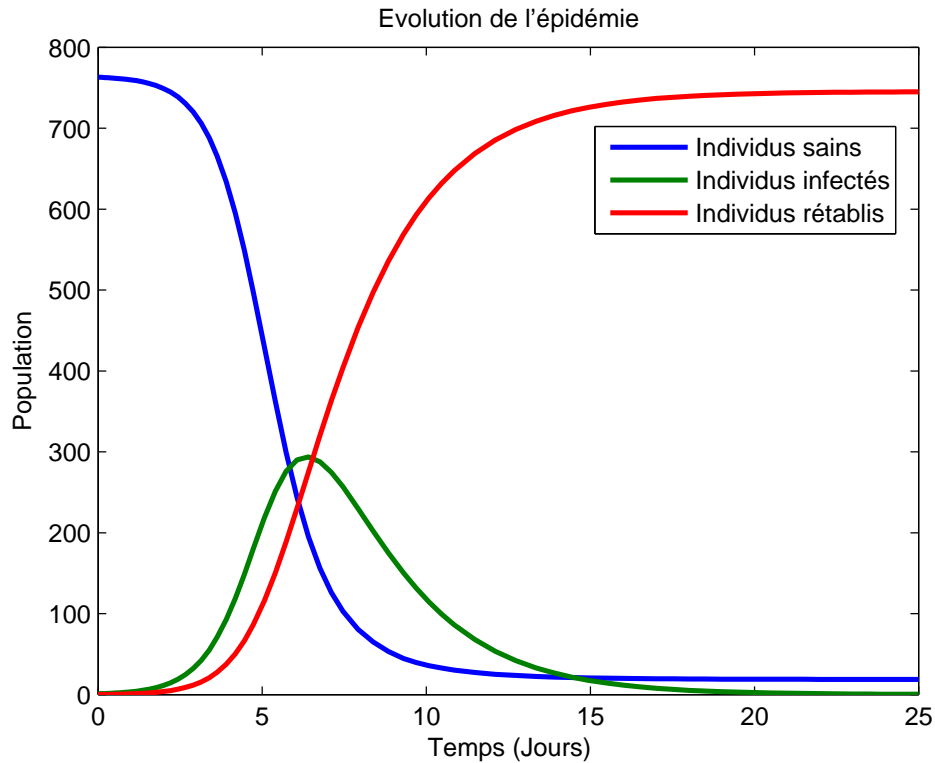


FIGURE 1.6 – Modèle  $SIR$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$  et  $a = 0.44$

Le comportement de cette épidémie est typique. Un seul individu infecté est introduit dans une population saine de 762 individus. Il s'en suit une progression rapide de l'épidémie, le nombre d'individus sains va très vite diminuer au profit des nombres d'individus infectés et rétablis.

Le pic de l'épidémie est atteint en 6.4103 jours. À ce moment, 294 individus sont infectés. L'épidémie tend ensuite à disparaître, le nombre d'individus infectés diminue. En moins de 25 jours, le nombre d'individus infectés tend vers zéro et il reste 19 individus sains qui n'ont pas été contaminés.

Remarquons que le modèle est continu alors que notre distribution de population est discrète, les nombres d'individus ont d'ailleurs été arrondis lors de l'interprétation de l'illustration. Nous avons des nombres d'individus qui ne sont pas entiers. C'est également à cause de cela que l'épidémie ne s'arrête pas complètement. Nous considérons alors qu'une épidémie est finie lorsque le nombre d'individus devient inférieur à un.

### 1.2.2 Modèle *SIRS*

Le modèle *SIRS* est une combinaison des modèles *SIS* et *SIR*. Il comporte trois compartiments distincts comme le modèle *SIR*. Néanmoins, cette modélisation permet aux individus rétablis de redevenir sains, c'est-à-dire de perdre leur immunité. La FIGURE 1.7 représente la dynamique de ce modèle.

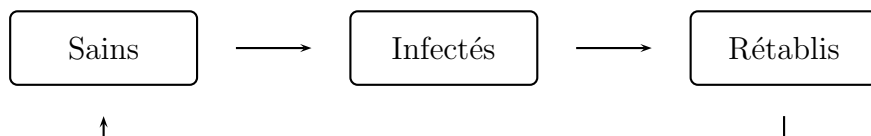


FIGURE 1.7 – Compartiments du modèle *SIRS*

Pour pouvoir écrire les équations décrivant ce modèle, nous devons déterminer un nouveau taux de transfert entre le compartiment des individus rétablis et celui des individus sains. Nous supposons que ce taux de transfert est proportionnel au nombre d'individus rétablis.

$$\text{Taux de transfert rétablis/sains} \propto R(t)\Delta t$$

Nous pouvons, à présent, exprimer ce modèle sous forme d'équations différentielles.

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t) + bR(t), \quad (1.15)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t)I(t) - aI(t), \quad (1.16)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t) - bR(t), \quad (1.17)$$

où  $a$ ,  $b$  et  $r$  sont des réels positifs.

La valeur  $b$  représente la part d'individus rétablis qui vont perdre leur immunité au cours d'une unité de temps.

Malgré le fait que les individus aient la possibilité de redevenir des individus sains, la population globale est supposée constante comme pour le modèle *SIR*.

$$\forall t \quad S(t) + I(t) + R(t) = N. \quad (1.18)$$

Calculons les équilibres du système (1.15)-(1.17),

$$0 = -rS^*I^* + bR^*, \quad (1.19)$$

$$0 = rS^*I^* - aI^*, \quad (1.20)$$

$$0 = aI^* - bR^*. \quad (1.21)$$

L'équation (1.20) nous donne deux équilibres possibles. Soit  $I^* = 0$ , ce qui correspond à l'équilibre trivial avec  $S^* = N$  et  $R^* = 0$ . Dans ce cas, il n'y a pas d'épidémie. Dans le cas de l'équilibre non trivial,  $S^* = \frac{a}{r}$ , nous pouvons calculer les valeurs  $I^*$  et  $R^*$  à l'aide des équations restantes et de la condition (1.18). L'équation (1.19) nous donne,

$$\begin{aligned} 0 &= -rS^*I^* + bR^* \\ \iff 0 &= -aI^* + bR^* \\ \iff I^* &= \frac{b}{a} R^*. \end{aligned}$$

Avec la condition (1.18), nous savons que,

$$R^* = N - \frac{a}{r} - I^*.$$

Et donc, en combinant les deux derniers résultats,

$$\begin{aligned} I^* &= b \frac{N - \frac{a}{r}}{a + b}, \\ R^* &= a \frac{N - \frac{a}{r}}{a + b}. \end{aligned}$$

Nous pouvons, à nouveau, réaliser une intégration numérique pour avoir un aperçu du comportement du modèle. Nous prenons comme paramètres :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $b = 0.2$ ,  $a = 0.44$ . Nous optons également pour une population de 764 individus dont un seul est infecté. Nous obtenons alors, par intégration numérique, les résultats présentés à la FIGURE 1.8.

Nous remarquons que le nombre final de chaque classe est constant après un certain temps. L'équilibre que nous avons trouvé est asymptotiquement stable. Nous pouvons vérifier cet équilibre en le calculant analytiquement,

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{a}{r} = 202, \\ I^* &= b \frac{N - \frac{a}{r}}{a + b} = 176, \\ R^* &= a \frac{N - \frac{a}{r}}{a + b} = 386. \end{aligned}$$

Cela correspond effectivement aux équilibres trouvés graphiquement.

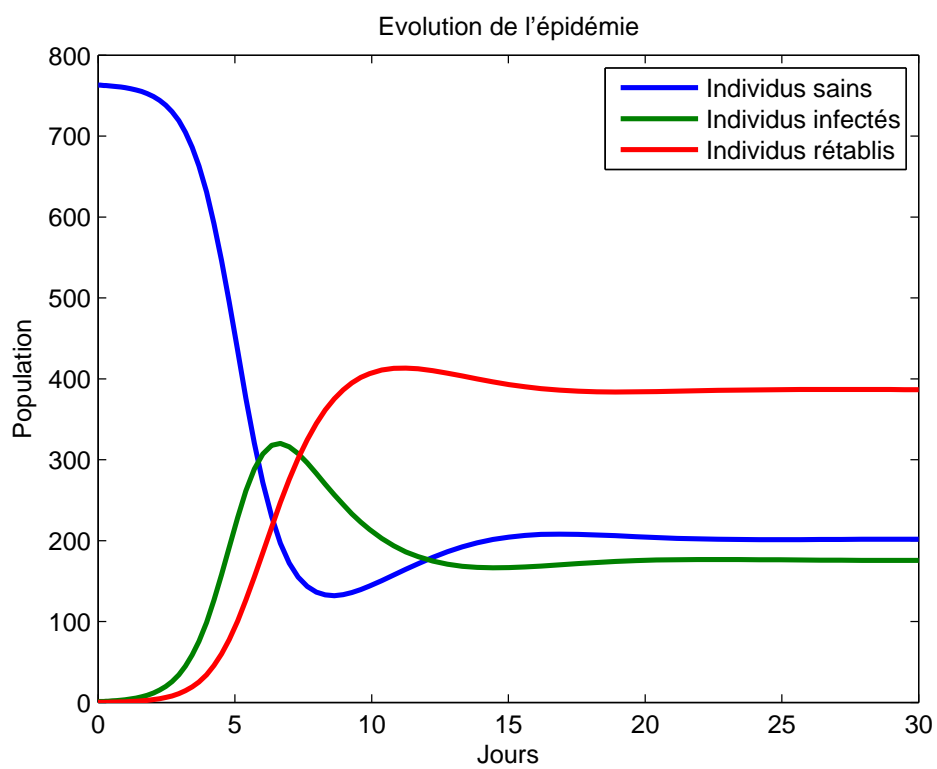


FIGURE 1.8 – Modèle *SIRS* :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $b = 0.2$  et  $a = 0.44$

## Chapitre 2

# Modèle de Kermack-McKendrick

Ce chapitre s'inspire de l'article [6] et du cours [4].

Le modèle de Kermack-McKendrick, également appelé modèle *SIR*, est, rappelons-le, un très bon compromis entre simplicité et efficacité. Nous l'avons construit à la section 1.2.1. Dans ce chapitre, nous allons étudier en détails ce modèle à trois compartiments, dont voici les équations,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t), \quad (2.1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t)I(t) - aI(t), \quad (2.2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t), \quad (2.3)$$

où  $a$  et  $r$  sont des réels positifs.

Prenons les conditions initiales suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (2.4)$$

$$I(0) = I_0, \quad (2.5)$$

où  $S_0$  est positif et  $I_0$  est strictement positif. Le nombre d'individus rétablis n'ayant pas d'influence sur le comportement du modèle, nous pouvons faire l'hypothèse suivante sans perdre de généralité,

$$R(0) = 0. \quad (2.6)$$

Trouver une solution analytique du système (2.1)-(2.3) avec les conditions initiales (2.4)-(2.6) n'est pas possible. Nous pouvons néanmoins trouver quelques propriétés quantitatives intéressantes. Avant cela, remarquons que nous pouvons réécrire le modèle *SIR* en termes de densité et non plus de nombre d'individus.

## 2.1 En termes de densité

Dans certains cas, il est plus pertinent de parler de proportion de population que de nombre d'individus. Cela peut, par exemple, régler le problème de nombre entier des illustrations du chapitre précédent. Nous définissons donc de nouvelles variables,  $s(t)$ ,  $i(t)$  et  $r(t)$  qui représentent, respectivement, les densités d'individus sains, infectés et rétablis dans la population. Le modèle d'équations différentielles (2.1)-(2.2) peut se réécrire en fonction de ces nouvelles variables,

$$\frac{ds(t)}{dt} = -\beta s(t)i(t), \quad (2.7)$$

$$\frac{di(t)}{dt} = \beta s(t)i(t) - \gamma i(t), \quad (2.8)$$

$$\frac{dr(t)}{dt} = \gamma i(t), \quad (2.9)$$

où  $\beta$  et  $\gamma$  sont des réels positifs.

Les nouveaux paramètres,  $\beta$  et  $\gamma$ , peuvent facilement être calculés en fonction de ceux du modèle (2.1)-(2.2). Ainsi, le nouveau taux de contamination,  $\beta$ , correspond au précédent,  $r$ , multiplié par le nombre d'individus dans la population. Ce résultat est évident puisque la proportion d'individus infectés dépend du nombre total d'individus. Les taux de guérison des deux systèmes sont égaux mais, dans un souci de clarté, nous choisissons de les noter différemment en fonction du modèle utilisé.

Notons que nous choisissons de ne pas utiliser ce modèle par la suite. L'information sur le nombre d'individus est, pour nous, préférable à une densité. Cependant, il est intéressant de savoir que les modèles épidémiologiques à compartiment peuvent se formuler en termes de densité.

## 2.2 Taux de reproduction basique

Intéressons-nous aux conditions nécessaires au déclenchement d'une épidémie. Pour ce faire, réécrivons l'équation (2.2) sous la forme suivante,

$$\frac{dI(t)}{dt} = (rS(t) - a)I(t). \quad (2.10)$$

Cela nous permet de déterminer les conditions pour qu'une épidémie se développe. Si  $S(t) \leq \frac{a}{r}$ , le nombre d'individus infectés va décroître et l'épidémie progressivement se terminer. Sinon, le nombre d'individus infectés va croître, ce qui signifie que l'épidémie ne fait que commencer. Nous pouvons réécrire la condition  $S(t) \leq \frac{a}{r}$ ,

$$S(t) \leq \frac{a}{r} \iff \frac{r}{a}S(t) \leq 1.$$

De plus, nous savons qu'au temps initial, la majorité de la population est saine,

$$S_0 \approx N.$$

Nous pouvons alors définir le *taux de reproduction basique*,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{r}{a}N. \quad (2.11)$$

Ce paramètre définit si une épidémie a lieu ou pas. Si  $\mathcal{R}_0 \leq 1$ , il n'y a pas d'épidémie. Dans le cas contraire, une épidémie se déclenche. Nous pouvons également évaluer la gravité d'une épidémie en fonction de la valeur de  $\mathcal{R}_0$ . Ainsi, plus le taux de reproduction basique est élevé, plus il y aura d'individus infectés. Nous pouvons vérifier cela numériquement à la FIGURE 2.1.

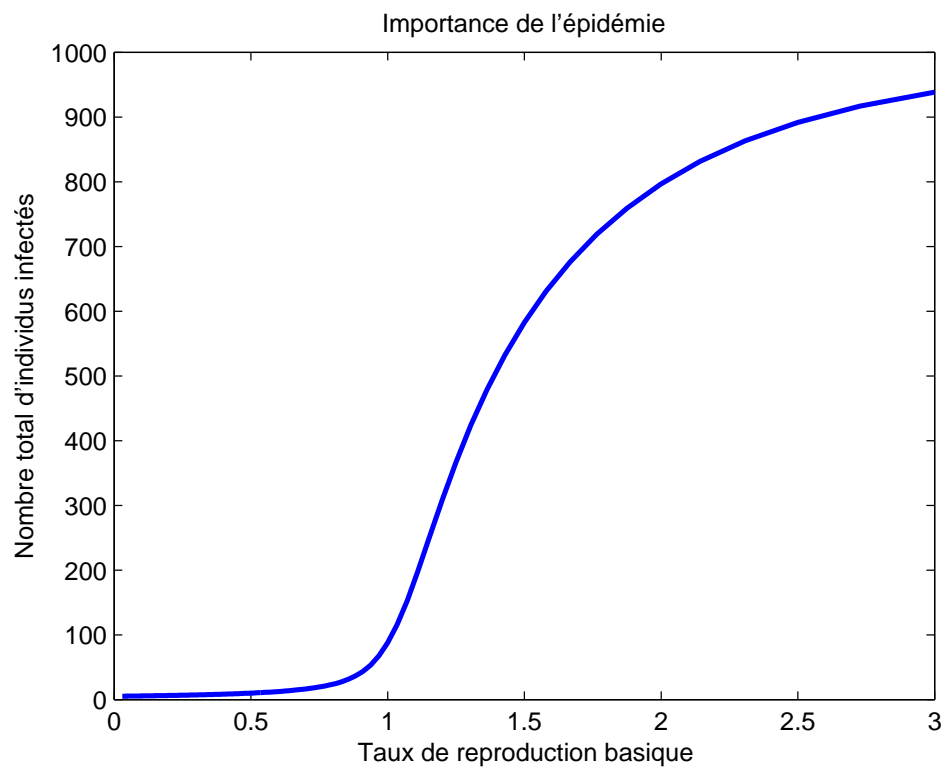


FIGURE 2.1 – Modèle *SIR* : Nombre total d'individus infectés par une épidémie en fonction du taux de reproduction basique dans une population de 1000 individus.

Le nombre final d'individus ayant été contaminés par une infection dépend du taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ . Nous remarquons, comme prévu, que plus celui-ci est élevé, plus l'épidémie est importante. Nous observons également qu'en dessous de la valeur  $\mathcal{R}_0 = 1$ , il y a très peu de personnes contaminées. Le taux de reproduction basique  $\mathcal{R}_0 = 1$  est donc bien le seuil de déclenchement d'une épidémie.



Le taux de reproduction basique peut être interprété comme le nombre moyen d'individus contaminés par un seul individu infecté, durant sa période d'infectiosité, dans une population totalement saine. Dès lors, la condition pour avoir une épidémie,  $\mathcal{R}_0 > 1$ , peut se traduire comme ceci : un individu infecté doit contaminer au moins une personne avant de guérir. Ce résultat est assez intuitif.

## 2.3 Taux de croissance exponentielle

La plupart des épidémies ne sont modélisées qu'après leur arrêt, et cela à cause de paramètres difficiles à déterminer. En effet, il nous est possible de connaître la taille de la population,  $N$ , ainsi que la valeur du taux de guérison,  $a$ , spécifiques à la maladie, mais nous ne connaissons pas le taux de contamination,  $r$ , qui dépend de la maladie et du comportement de la population face à celle-ci. Pour pallier à ce problème, nous pouvons définir le taux de croissance exponentielle. Celui-ci nous permet de déterminer les premiers instants de l'épidémie et donc d'approximer le taux de contamination.

Au temps initial, la population est constituée en grande partie d'individus sains et nous pouvons grâce à cela faire l'approximation suivante,  $S_0 \approx N$ . Dès lors, l'équation (2.2) peut, elle aussi, être approximée aux premiers instants par :

$$\begin{aligned}\frac{dI(t)}{dt} &\approx rNI(t) - aI(t), \\ &= (rN - a)I(t), \\ &= a(\mathcal{R}_0 - 1)I(t).\end{aligned}$$

Nous avons donc que le nombre d'individus croît de manière exponentielle au temps initial,

$$I(t) = I_0 e^{a(\mathcal{R}_0 - 1)t}.$$

Ainsi, définissons le taux de croissance exponentielle,  $h$ , comme

$$h = a(\mathcal{R}_0 - 1). \quad (2.12)$$

Ce taux peut être déterminé expérimentalement dès le début d'une épidémie, ce qui permet d'approximer la valeur du taux de contamination  $r$ . En effet,

$$\begin{aligned}h = a(\mathcal{R}_0 - 1) &\iff h = rN - a \\ &\iff r = \frac{h + a}{N}\end{aligned}$$

Puisque les paramètres  $a$ ,  $h$  et  $N$  peuvent facilement être déterminés, nous pouvons approximer  $r$ . Néanmoins, cette approximation s'avère parfois éloignée de la réalité à cause de données expérimentales incomplètes ou erronées. Ce taux de croissance exponentielle va également nous permettre de comparer les premiers instants de deux épidémies suivant des modèles différents.

## 2.4 Portrait de phase

Nous allons ici construire et analyser le portrait de phase du modèle *SIR*. Nous supposons, pour l'instant, que le nombre d'individus sains,  $S(t)$ , n'est jamais nul. Ainsi, commençons par diviser l'équation (2.2) par l'équation (2.1),

$$\begin{aligned}\frac{\frac{dI(t)}{dt}}{\frac{dS(t)}{dt}} &= \frac{dI}{dS} \\ &= \frac{rSI - aI}{-rSI} \\ &= -1 + \frac{a}{rS}.\end{aligned}$$

En intégrant par rapport à  $S$ , nous obtenons,

$$I = -S + \frac{a}{r} \ln S + c, \quad (2.13)$$

où  $c$  est une constante d'intégration.

Il nous est possible de déterminer la constante  $c$  à l'aide des conditions initiales. Nous savons en effet que  $I(S_0) = I_0$ . En utilisant cette condition avec l'équation (2.13), nous trouvons donc,

$$c = I_0 + S_0 - \frac{a}{r} \ln S_0,$$

Nous avons précédemment remarqué que le pic de l'épidémie est atteint en  $S = \frac{a}{r}$ . Avec l'équation (2.13), nous pouvons maintenant déterminer le nombre d'individus infectés en ce pic.

$$I_{\max} = -\frac{a}{r} + \frac{a}{r} \ln \frac{a}{r} + I_0 + S_0 - \frac{a}{r} \ln S_0. \quad (2.14)$$

La seule condition pour obtenir que  $S(t)$  soit nul est de considérer une population initiale sans aucun individu sain. Ainsi, nous avons que,

$$S(t) > 0 \quad \forall t \geq 0, \quad (2.15)$$

pour autant que  $S_0 > 0$ .

Nous pouvons, à présent, tracer un portrait de phase (FIGURE 2.2). Ainsi, nous observons le comportement général du nombre d'individus infectés en fonction du nombre d'individus sains.

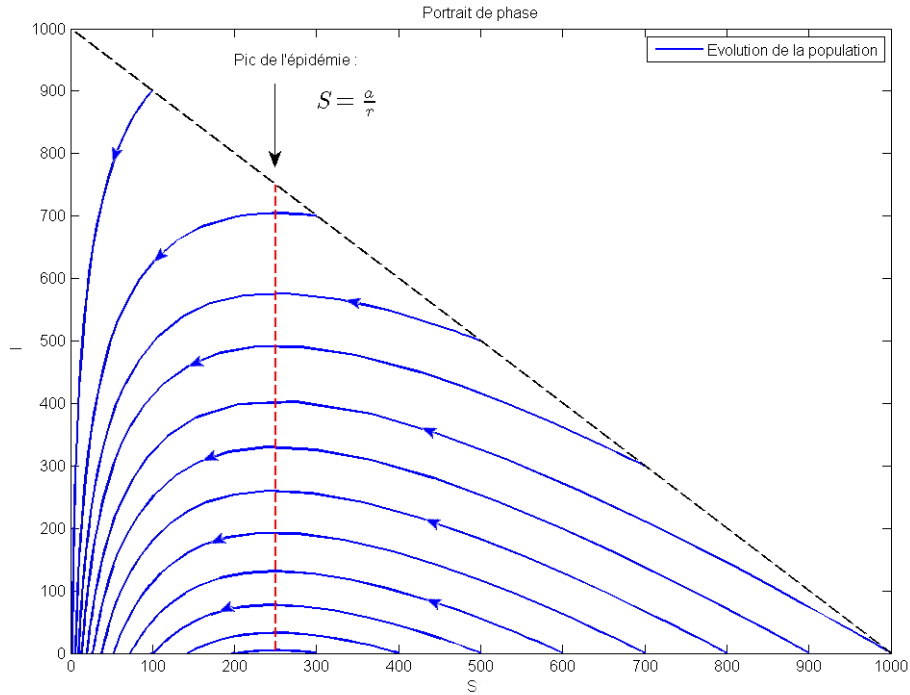


FIGURE 2.2 – Modèle  $SIR$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$  et  $a = 0.44$

La population totale est de 1000 individus. Dans le triangle supérieur droit, la somme de tous les individus dépasse la limite de 1000, c'est pourquoi nous n'observons rien dans cette zone. Nous remarquons le pic de l'épidémie en  $S = \frac{a}{r}$  pour toutes les conditions initiales. Pour des valeurs de  $S$  supérieures à  $\frac{a}{r}$ , le nombre d'individus infectés augmente, cette partie correspond au développement de l'épidémie. Les cas où  $S$  est inférieur à  $\frac{a}{r}$  correspondent au ralentissement puis à l'arrêt de la maladie.

## 2.5 Relation de taille

Dans cette section, nous allons chercher une relation analytique entre les conditions initiales, le taux de reproduction basique et le nombre d'individus qui n'auront pas été infectés à la fin de l'épidémie. Pour ce faire, posons une nouvelle variable  $S_\infty$  représentant le nombre d'individus n'ayant pas été infectés par l'épidémie, une fois celle-ci finie,

$$S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t).$$

Rappelons l'équation (2.1),

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t).$$

Dans la section 2.4, nous avons montré que le nombre d'individus sains,  $S(t)$ , est toujours strictement positif (équation 2.15). Ainsi, nous pouvons sans problème diviser l'équation (2.1) par  $S(t)$  et ainsi obtenir,

$$\frac{1}{S(t)} \frac{dS(t)}{dt} = -rI(t).$$

Si nous intégrons par rapport à  $t$ , de 0 à l'infini, nous obtenons le résultat suivant,

$$[\ln S(t)]_0^\infty = -r \int_0^\infty I(t) dt.$$

Nous savons que  $S(0) = S_0$  et nous pouvons noter que  $S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ . Ainsi,

$$\ln S_\infty - \ln S_0 = -r \int_0^\infty I(t) dt.$$

Et donc,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = r \int_0^\infty I(t) dt. \quad (2.16)$$

Réécrivons le terme de droite de l'équation (2.16) en sommant les équations (2.1) et (2.2),

$$\frac{dS(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} = -aI(t).$$

Si nous intégrons par rapport à  $t$  de 0 à l'infini, nous obtenons,

$$[S(t) + I(t)]_0^\infty = -a \int_0^\infty I(t) dt.$$

Si nous notons  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty$ ,

$$[S(t) + I(t)]_0^\infty = S_\infty + I_\infty - (S_0 + I_0).$$

De plus, nous savons que  $I_\infty = 0$  puisque  $I^* = 0$  est le seul équilibre asymptotiquement stable. Nous pouvons également remarquer que  $S_0 + I_0 = N$  puisque nous n'avons pas d'individus rétablis au temps initial. Nous obtenons donc,

$$[S(t) + I(t)]_0^\infty = S_\infty - N.$$

Par conséquent,

$$-a \int_0^\infty I(t) dt = S_\infty - N. \quad (2.17)$$

En combinant les équations (2.16) et (2.17),

$$\begin{aligned} \ln \frac{S_0}{S_\infty} &= \frac{r}{a} (N - S_\infty) \\ &= \frac{r}{a} N \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right). \end{aligned}$$

En remarquant que  $\frac{r}{a}N$  est le taux de reproduction basique  $\mathcal{R}_0$ , nous obtenons la *relation de taille finale*,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = \mathcal{R}_0 \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right). \quad (2.18)$$

Cette équation nous permet donc de calculer le nombre d'individus encore sains à la fin de l'épidémie. Néanmoins, cette relation est plus généralement utilisée après une épidémie pour en déterminer avec plus de précision les paramètres.

## 2.6 Durée moyenne de la maladie

Intéressons-nous à la durée moyenne de la maladie. Nous savons que  $aI$  est le taux de transfert du groupe des individus sains au groupe des individus infectés. Considérons une population entièrement infectée. Nous obtenons alors l'équation différentielle suivante, pour exprimer les variations de la classe  $I$ ,

$$\frac{dI(t)}{dt} = -aI(t).$$

Nous pouvons alors trouver une expression de  $I(t)$ ,

$$I(t) = K e^{-at},$$

avec  $K$  une constante.

Grâce aux conditions initiales, nous déduisons que  $K = I_0$ . De plus, comme nous considérons que toute la population est infectée,  $I_0 = N$ , nous obtenons,

$$I(t) = N e^{-at}.$$

Définissons une nouvelle variable,  $P(t)$ , pour évaluer la proportion d'individus encore infectés après un temps  $t$ ,

$$\begin{aligned} P(t) &= \frac{N - N e^{-at}}{N} \\ &= 1 - e^{-at}. \end{aligned}$$

Remarquons que  $P(t)$  correspond à la fonction de répartition d'une loi exponentielle puisque  $t \geq 0$ . Posons  $X$ , la variable aléatoire qui suit cette loi exponentielle. Nous pouvons alors déduire l'espérance de  $X$ ,

$$E(X) = \frac{1}{a}. \quad (2.19)$$

La variable aléatoire  $X$  correspond au temps passé dans la classe  $I$  avant le rétablissement. Ainsi, l'espérance de cette variable aléatoire approxime la durée moyenne de la maladie. La maladie a donc une durée moyenne de  $a^{-1}$  unités de temps.

## 2.7 Illustration : Eyam

Dans cette section, nous allons illustrer le fonctionnement du modèle *SIR* en nous basant sur des données réelles. Celles-ci sont tirées de l'article de D. Sulsky [15] et concernent le village de Eyam, Derbyshire, Angleterre, qui a été touché par la peste durant l'été 1666. Sa particularité est que ses habitants ont décidé de s'isoler pour stopper la propagation. La population peut donc être supposée constante durant toute la durée de l'épidémie<sup>1</sup>, ce qui remplit une des hypothèses cruciales pour l'application du modèle de Kermack-McKendrick. Ainsi, l'exemple d'Eyam est souvent repris lorsque l'on s'intéresse aux modèles épidémiologiques.

La table 2.1 reprend les données récoltées lors de l'épidémie de peste de 1666. Il s'agit d'estimations puisque la peste a une période d'incubation de 6 jours. Il n'est donc pas possible de détecter le moment précis où un individu est infecté. Nous devons donc faire des estimations à partir des seules données disponibles, le nombre de décès<sup>2</sup>. Le découpage en temps qui est utilisé est de 15,5 jours.

Date (1666)	S	I
19 Juin	254	7
3/4 Juillet	235	14.5
19 Juillet	201	22
3/4 Août	153.5	29
19 Août	121	21
3/4 Septembre	108	8
19 Septembre	97	8
4/5 Octobre	inconnu	inconnu
20 Octobre	83	0

TABLE 2.1 – Données concernant l'épidémie de peste à Eyam

La majorité des personnes infectées sont mortes lors de cette épidémie, il y a seulement 3 cas de guérison. Ainsi, nous considérons que la classe des individus rétablis contient plutôt les individus décédés. Nous avons vu précédemment que cela ne change rien au comportement du modèle puisque les individus rétablis et/ou morts n'ont aucun impact sur les autres.

Nous savons que le temps d'incubation de la peste est de maximum 6 jours et que sa durée de convalescence est de 5.5 jours. Ainsi, la durée totale de la maladie, ou le temps durant lequel une personne est infectée et contagieuse, est estimée à 11 jours. L'épidémie se déroule de juin à octobre ainsi, nous prenons le mois (de 31 jours) comme unité de temps, la durée totale de la maladie est donc de 0.35 mois. Nous

---

1. Notons que cela n'est pas totalement exact puisque quelques naissances et morts naturelles sont survenues durant l'épidémie, ainsi que la fuite de certains villageois.

2. Plus de détails sont fournis à l'annexe A.

pouvons, avec cette information, déterminer le paramètre  $a$  de notre modèle  $SIR$  qui correspond au taux de guérison,

$$a = (\text{Durée totale de la maladie})^{-1} = (0.3667)^{-1} = 2.82.$$

Le deuxième paramètre,  $r$ , est quant à lui calculé à partir du taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ . Pour connaître ce dernier, nous avons utilisé la relation de taille (2.18). Le nombre d'individus sains au début et à la fin de l'épidémie sont notés  $S_0$  et  $S_\infty$ . Ceux-ci prennent les valeurs suivantes,

$$S_0 = 254 \text{ et } S_\infty = 83,$$

comme nous le constatons dans la table 2.1. En combinant ces différentes informations, nous pouvons transformer la relation de taille pour obtenir le paramètre  $\mathcal{R}_0$ ,

$$\begin{aligned} \ln \frac{S_0}{S_\infty} &= \mathcal{R}_0 \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right) \\ \implies \mathcal{R}_0 &= 1.64. \end{aligned}$$

Par ailleurs, nous savons que le taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ , est donné par la relation suivante,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{r}{a} N.$$

Nous pouvons en déduire le taux de contamination,  $r = 0.0177$ .

Maintenant que nous avons les paramètres  $a$  et  $r$ , nous pouvons réaliser une intégration numérique avec notre modèle  $SIR$ . La FIGURE 2.3 reprend les résultats.

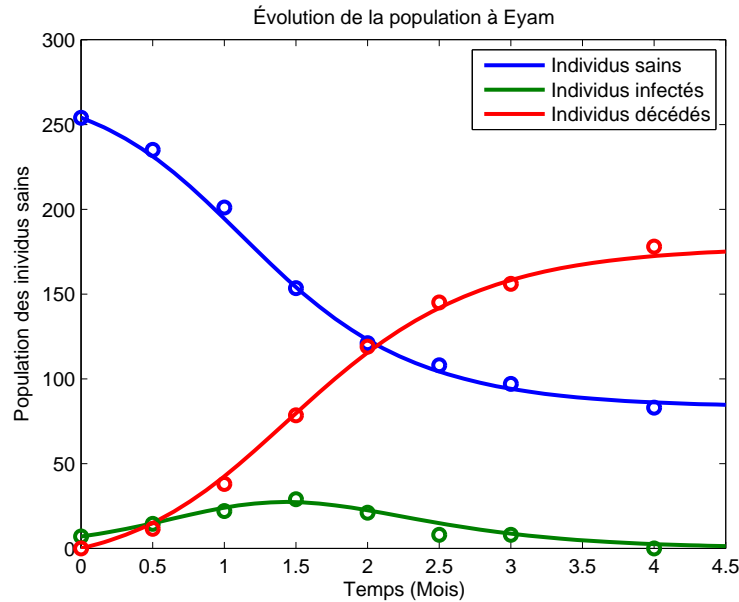


FIGURE 2.3 – Données réelles de l'épidémie de peste à Eyam et simulation par intégration numérique du modèle  $SIR$  avec les paramètres  $a = 2.82$  et  $r = 0.0177$ .

Nous observons sur la FIGURE 2.3 que les résultats de l'intégration numérique sont proches des données historiques. Le pic de l'épidémie est atteint après 1.5 mois, soit début août. Aux regards des observations, après 4 mois, l'épidémie stoppe et plus aucun malade n'est déclaré. Cependant le résultat de l'intégration ne montre pas l'arrêt de l'épidémie mais seulement une stabilisation du nombre d'individus dans chaque classe. Cela est dû à l'utilisation d'un modèle continu que nous comparons à des données discrètes. L'évolution de cette épidémie est très classique et est idéale pour illustrer l'utilisation du modèle.

Notons qu'il est rare d'atteindre une correspondance aussi parfaite entre résultats numériques et observations. C'est entre autres l'isolement de toute la population d'Eyam pour faire face à la peste qui nous permet l'utilisation de notre modèle. Dans la plupart des épidémies, la population essaie de réagir, nous verrons comment modifier nos modèles pour intégrer cette composante dans la section 3.3.

Une autre représentation que nous pouvons utiliser pour comparer notre modèle aux données réelles est le plan de phase. Pour cela, nous utilisons le taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ , que nous avons calculé précédemment. Nous obtenons alors le résultat de la FIGURE 2.4.

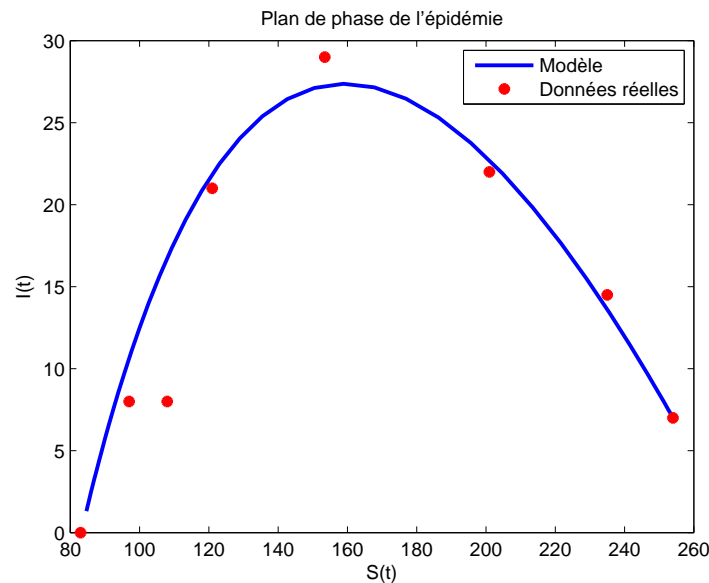


FIGURE 2.4 – Portrait de phase du modèle  $SIR$  avec  $\mathcal{R}_0 = 1.640$

Encore une fois, nous constatons que le résultat de l'intégration du modèle  $SIR$  est proche des données historiques d'Eyam.



Une dernière remarque concernant cet exemple est que nous ne pouvons pas supposer que l'épidémie se propage uniquement d'individu en individu. En effet, la peste qui s'est propagée dans le village d'Eyam est une peste bubonique qui a ensuite muté pour devenir pneumonique. Nous verrons dans la section 4.2 comment modéliser la propagation d'une épidémie avec des agents infectieux.

## 2.8 Modèle endémique

L'hypothèse selon laquelle la population est composée des mêmes individus sur toute la durée de l'épidémie ne peut se faire que sur une période restreinte. Le modèle *SIR*, que nous avons étudié précédemment, est généralement utilisé pour des épidémies de moins d'un an. Ainsi, pour les endémies qui durent plus longtemps, nous devons considérer la natalité et la mortalité dans la population.

### 2.8.1 Construction du modèle

Nous considérons ici qu'un nouveau-né est sain et que tous les individus peuvent mourir naturellement sans lien avec l'infection modélisée. Nous pouvons, à présent, schématiser le modèle endémique *SIR* par la FIGURE 2.5.

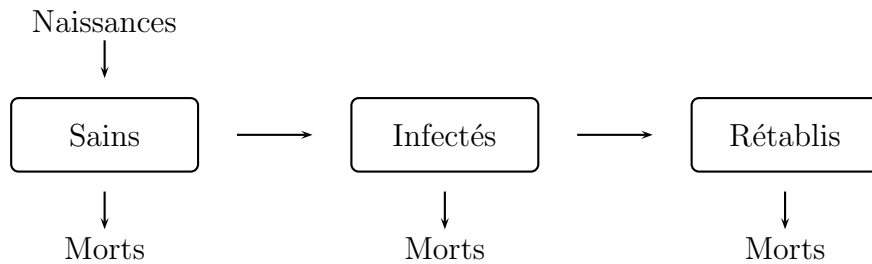


FIGURE 2.5 – Compartiments du modèle *SIR* avec natalité et mortalité

Si les naissances contrebalancent les morts, le nombre d'individus total est constant. La dynamique de ce modèle est donnée par le système d'équations différentielles suivant,

$$\frac{dS(t)}{dt} = \mu N - \mu S(t) - rS(t)I(t), \quad (2.20)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t)I(t) - aI(t) - \mu I(t), \quad (2.21)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t) - \mu R(t), \quad (2.22)$$

où  $\mu$ ,  $a$  et  $r$  sont des réels positifs.

Le paramètre  $\mu$  représente le taux de natalité et donc aussi de mortalité par hypothèse. Nous remarquons que des individus sains sont constamment ajoutés à la population, alors que des individus des trois autres classes sont retirés.

Nous prendrons également les conditions initiales suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (2.23)$$

$$I(0) = I_0, \quad (2.24)$$

$$R(0) = R_0, \quad (2.25)$$

où  $S_0$  et  $R_0$  sont positifs et  $I_0$  est strictement positif. Si  $I_0$  est nul, il n'y a aucune propagation d'infection, c'est pour cela que nous imposons que cette valeur soit strictement positive.

Montrons que  $\mu^{-1}$  correspond à l'espérance de vie des individus. Pour cela, considérons une population où le nombre individus,  $N(t)$ , varie au cours du temps. Si nous considérons que cette population ne se reproduit pas, nous obtenons,

$$\frac{dN(t)}{dt} = -\mu N.$$

Nous avons alors par intégration que,

$$N(t) = N_0 e^{-\mu t},$$

où  $N_0$  est le nombre initial d'individus dans la population.

Définissons une nouvelle variable,  $P(t)$ , correspondant à la proportion d'individus encore vivants après un temps  $t$  :

$$\begin{aligned} P(t) &= 1 - \frac{N(t)}{N_0} \\ &= 1 - e^{-\mu t}. \end{aligned}$$

Nous savons que  $P(t)$  correspond à la fonction de répartition d'une loi exponentielle puisque  $t \geq 0$ . Si  $X$  est la variable aléatoire qui suit cette loi exponentielle, nous pouvons alors déduire l'espérance de  $X$ ,

$$E(X) = \frac{1}{\mu}. \quad (2.26)$$

La variable aléatoire  $X$  correspond donc au temps passé dans la classe  $P$ . Nous avons que  $\mu^{-1}$  correspond à l'espérance de vie des individus. En Belgique, cette espérance de vie est de 79.59 ans.<sup>3</sup>

---

3. Chiffre de 2009 tiré de la source internet [12].

## 2.8.2 Analyse des équilibres

Commençons par déterminer le taux de reproduction basique de ce modèle. Avec un raisonnement similaire à celui de la section 2.2, nous trouvons,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{r}{a + \mu} N. \quad (2.27)$$

À présent, calculons les équilibres du système (2.20)-(2.22),

$$0 = \mu N - \mu S^* - r S^* I^*, \quad (2.28)$$

$$0 = r S^* I^* - a I^* - \mu I^*, \quad (2.29)$$

$$0 = a I^* - \mu R^*. \quad (2.30)$$

L'équation (2.29) nous donne deux équilibres potentiels, l'un avec  $I^* = 0$ , l'autre avec  $S^* = \frac{a + \mu}{r}$ . Le premier se réalise avec l'ensemble de la population saine :  $S^* = N$ ,  $I^* = 0$  et  $R^* = 0$ . Le deuxième nécessite plus de calculs pour trouver les valeurs de  $I^*$  et  $R^*$ . Remarquons d'abord que,

$$S^* = \frac{a + \mu}{r} = R_0^{-1}.$$

Partons, à présent, de l'équation (2.28) avec  $S^* = \frac{a + \mu}{r}$ , nous obtenons,

$$0 = \mu N - \mu \frac{a + \mu}{r} - r \frac{a + \mu}{r} I^*.$$

En isolant  $I^*$ , nous avons,

$$I^* = \mu \left( \frac{N}{a + \mu} - \frac{1}{r} \right).$$

Nous pouvons réécrire  $I^*$  sous la forme,

$$I^* = \mu \frac{R_0 - 1}{r}.$$

La valeur de  $R^*$  se déduit alors de l'équation (2.30),

$$R^* = a \frac{R_0 - 1}{r}.$$

Nous obtenons donc deux équilibres pour ce modèle d'endémie. Calculons leur stabilité. Pour cela, calculons la matrice jacobienne du système (2.20)-(2.22),

$$J(S(t), I(t), R(t)) = \begin{pmatrix} -\mu - rI(t) & -rS(t) & 0 \\ rI(t) & rS(t) - a - \mu & 0 \\ 0 & a & -\mu \end{pmatrix}.$$

Évaluons les valeurs propres de cette matrice au point d'équilibre trivial  $(N, 0, 0)$ ,

$$\begin{aligned}\det(\lambda \text{ Id} - J(N, 0, 0)) &= \det \begin{pmatrix} \lambda - \mu & -rN & 0 \\ 0 & \lambda - rN + a + \mu & 0 \\ 0 & a & -\mu \end{pmatrix} \\ &= (\lambda - \mu)^2(\lambda - rN + a + \mu) \\ &= 0\end{aligned}$$

$$\implies \lambda_1 = \lambda_2 = \mu \text{ et } \lambda_3 = rN - a - \mu.$$

Remarquons que les deux premières valeurs propres sont négatives et cherchons les conditions pour que la troisième le soit également, nous aurons ainsi que le point  $(N, 0, 0)$  est asymptotiquement stable,

$$\begin{aligned}\lambda_3 = rN - a - \mu < 0 &\iff \frac{r}{a + \mu}N < 1 \\ &\iff \mathcal{R}_0 < 1.\end{aligned}$$

Par conséquent, la stabilité du point  $(N, 0, 0)$  dépend du taux de reproduction basique.

La stabilité du deuxième point d'équilibre est opposée à celle du premier donc instable si  $\mathcal{R}_0 < 1$ , stable dans le cas contraire. Nous illustrons cela avec les portraits de phase des FIGURES 2.6 et 2.7.

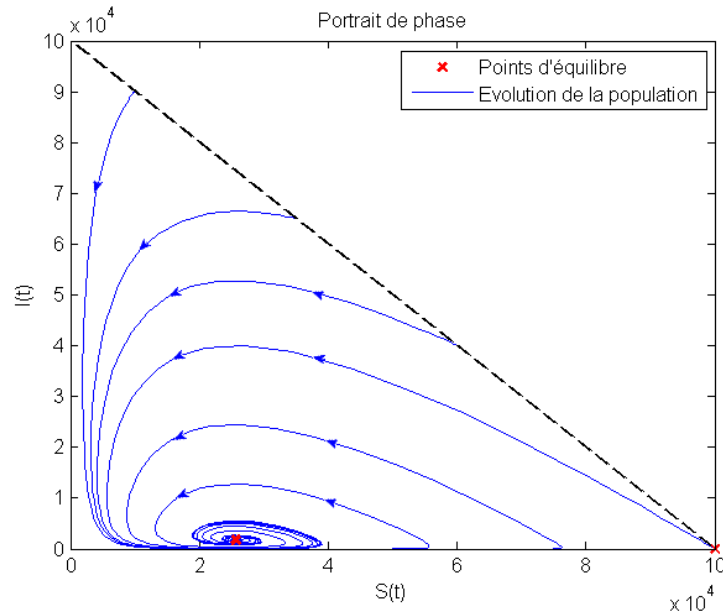


FIGURE 2.6 – Portrait de phase du modèle endémique *SIR* avec  $\mathcal{R}_0 = 3.9019$

Dans les deux exemples, nous considérons une grande population avec  $10^5$  individus. Notons que le nombre d'individus reste constant par le choix d'un taux de

natalité égal au taux de mortalité. Pour le premier cas, nous prenons un taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ , de 3.9019. Ce taux étant plus grand que 1, nous nous attendons à ce que l'évolution de l'endémie se stabilise avec un nombre non nul d'individus infectés. C'est effectivement ce que nous constatons. Nous pouvons également remarquer, sur ce premier exemple, que le point  $(N, 0, 0)$  est instable.

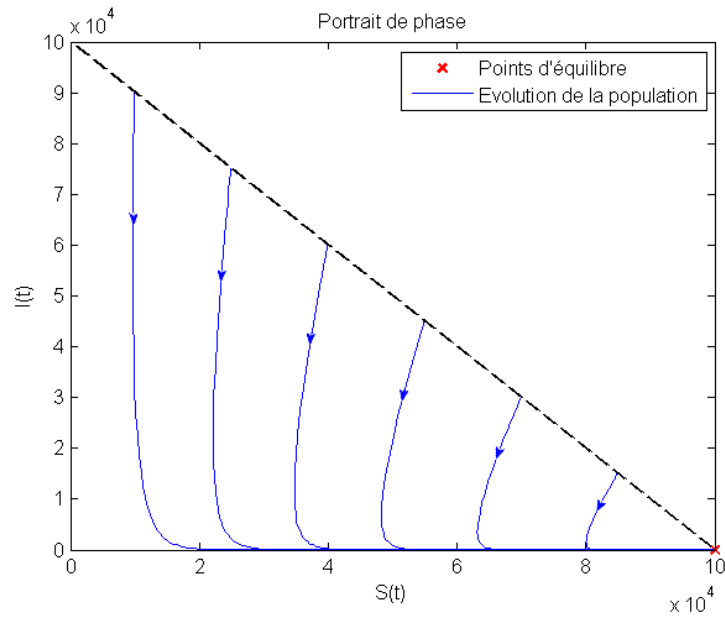


FIGURE 2.7 – Portrait de phase du modèle endémique  $SIR$  avec  $\mathcal{R}_0 = 0.3902$

Dans l'exemple de la FIGURE 2.7, nous choisissons un taux de reproduction basique plus petit,  $\mathcal{R}_0 = 0.3902$ , et donc inférieur à 1. Ainsi, nous observons que l'infection tend à disparaître peu importe les conditions initiales.

# Chapitre 3

## Construction de modèles épidémiologiques plus complexes

Dans ce chapitre, nous construisons des modèles plus complexes. Ainsi, nous aurons des systèmes à quatre compartiments et plus. Des nouvelles spécificités seront alors modélisées comme le temps d'incubation ou la mise en quarantaine. Nous nous basons ici sur le livre [2].

### 3.1 Taux de reproduction basique

Dans la section 2.2, nous avons défini le taux de reproduction basique à partir du modèle lui-même, de telle sorte qu'il nous indique si une épidémie a lieu lorsque qu'il est strictement plus grand que 1. Cette démarche n'est plus possible lorsque nous nous intéressons à des modèles plus raffinés. Dans cette section, nous donnons une définition précise du taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ , en nous basant sur la méthode de Van Den Driessche et Watmough [5] et [14].

Pour ce faire, commençons par une réécriture des modèles sous une forme plus générique. Soit un modèle muni de  $n$  compartiments dont les  $m$  premiers correspondent aux individus infectés. Soit  $x$ , un vecteur contenant le nombre d'individus dans chaque compartiment,

$$x = (x_1, \dots, x_n).$$

Notons  $X_S$  l'état de la population où aucun individu n'est infecté,

$$X_S = \{x \geq 0 \mid x_i = 0, i = 1, \dots, m\}. \quad (3.1)$$

L'évolution de chacun compartiment peut prendre la forme suivante,

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i^-(x) + \mathcal{V}_i^+(x), \quad i = 1, \dots, p. \quad (3.2)$$

La fonction  $\mathcal{F}_i(x)$  correspond à la vitesse d'apparition de nouveaux individus infectés dans le compartiment  $i$ . Le terme  $\mathcal{V}_i^-(x)$  est la vitesse de transfert du compartiment

$i$  par d'autres moyens, tels que le changement de stade de la maladie ou le vieillissement. La fonction  $\mathcal{V}_i^+(x)$  correspond quant à elle au transfert dans le compartiment  $i$ . Ces trois fonctions dépendent de l'état actuel de la population,  $x$ .

De plus, nous avons quelques propriétés intéressantes. Chaque fonction représente un transfert positif entre différents compartiments. Ainsi,

**Proposition 3.1.** *Si  $x \geq 0$ , alors  $\mathcal{F}_i(x)$ ,  $\mathcal{V}_i^-(x)$ ,  $\mathcal{V}_i^+(x) \geq 0$ .*

Il est évident que si un compartiment est vide, aucun individu ne peut être transféré hors de celui-ci,

**Proposition 3.2.** *Si  $x_i = 0$ , alors  $\mathcal{V}_i^-(x) = 0$ . En particulier, si  $x \in X_S$ , alors  $\mathcal{V}_i^-(x) = 0$ ,  $i = 1, \dots, m$ .*

Les compartiments correspondant aux individus sains ne peuvent pas être remplis par de nouvelles infections,

**Proposition 3.3.**  $\forall i > m, \mathcal{F}_i = 0$ .

Nous avons supposé que, si aucun individu n'est infecté dans la population, aucun nouveau cas ne peut émerger. Cette hypothèse est toujours valable et se traduit, dans cette nouvelle notation, par :

**Proposition 3.4.** *Si  $x \in X_S$ , alors  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  et  $\mathcal{V}_i^+(x) = 0$ ,  $i = 1, \dots, m$ .*

Soit un point d'équilibre du système,  $x_0$ , où il n'y a aucun individu infecté. Nous avons donc  $x_0 \in X_S$  et  $f(x_0) = 0$ . Si nous linéarisons le modèle 3.2 au point  $x_0$ , nous obtenons,

$$\dot{x} = J_f(x_0)(x - x_0), \quad (3.3)$$

où  $J_f(x_0)$  est la matrice jacobienne de  $f$  évaluée au point  $x_0$ . Nous supposons que le point d'équilibre  $x_0$  est asymptotiquement stable dans une population constituée uniquement d'individus sains.

**Proposition 3.5.** *Si  $\mathcal{F}(x)$  est nulle, alors toutes les valeurs propres de  $J_f(x_0)$  ont une partie réelle strictement négative.*

Nous avons également que,

$$\begin{aligned} J_f(x) &= J_{\mathcal{F}}(x) - J_{\mathcal{V}^-}(x) + J_{\mathcal{V}^+}(x) \\ &= J_{\mathcal{F}}(x) - J_{\mathcal{V}^- - \mathcal{V}^+}(x). \end{aligned}$$

De plus, par les PROPOSITIONS 3.3 et 3.4, nous avons,

$$J_{\mathcal{F}}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

où  $F$  est une sous-matrice  $m \times m$  de la jacobienne. En ajoutant la proposition 3.1, nous déterminons que,

$$F \geq 0 \quad (3.4)$$

, i.e. tous les éléments de la matrice  $V^{-1}$  sont positifs. De manière équivalente, avec les propositions 3.2 et 3.4, nous obtenons

$$J_{\mathcal{V}}(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix},$$

avec  $V$  de taille  $m \times m$  et  $\mathcal{V} = \mathcal{V}^- - \mathcal{V}^+$ . Nous avons donc,

$$J_f(x) = \begin{pmatrix} F - V & 0 \\ -J_3 & -J_4 \end{pmatrix}. \quad (3.5)$$

De plus, nous avons les propriétés suivantes sur les matrices  $V$  et  $J_4$  :

**Proposition 3.6.**  *$V$  est une M-matrice non-singulière et toutes les valeurs propres de  $J_4$  ont des parties réelles positives.*

*Démonstration.* Pour prouver que  $V$  est une M-matrice non-singulière, nous allons montrer que celle-ci est une Z-matrice dont toutes les valeurs propres ont une partie réelle strictement positive.

Rappelons qu'une Z-matrice est une matrice carrée dont tous les éléments hors-diagonaux sont négatifs. La matrice  $V$  est de taille  $m \times m$ . Chaque élément peut être défini par,

$$(V)_{ij} = \left( \frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j} \right) (x_0) = \lim_{h \rightarrow 0^+} \left( \frac{\mathcal{V}_i(x_0 + he_j) - \mathcal{V}_i(x_0)}{h} \right),$$

où  $e_j$  est le  $j$ -ème vecteur de la base canonique. Par les propositions 3.2 et 3.4,  $\mathcal{V}_i(x_0) = 0, i = 1, \dots, m$ . Si  $i \neq j$ , la  $i$ -ème composante de  $x_0 + he_j$  est nulle et donc  $\mathcal{V}_i^-(x_0) = 0$ . Ainsi,  $\mathcal{V}_i(x_0 + he_j) = -\mathcal{V}_i^+(x_0)$  et, par la proposition 3.1,  $V$  est une Z-matrice.

Par la proposition 3.5, toutes les valeurs propres de  $J_f(x_0)$  ont une partie réelle strictement négative. La matrice  $J_f(x_0)$  est triangulaire par blocs, ses valeurs propres sont donc celles de ses sous-matrices  $F - V$  et  $J_4$ . De plus,  $x_0 \in X_S$ , ce qui implique que  $F = J_{\mathcal{F}}(x_0)$  est une matrice nulle. Les valeurs propres de  $-J_4$  ont une partie réelle négative et celles de  $V$  une partie réelle strictement positive. Cela nous permet de conclure que  $V$  est une M-matrice non-singulière.  $\square$

Puisque  $V$  est une M-matrice non-singulière, elle est inversible et  $V^{-1} \geq 0$ .

Partons du système linéarisé 3.3 et considérons que les individus infectés ne sont pas réinjectés dans la population.

$$\dot{x} = -J_{\mathcal{V}}(x_0)(x - x_0), \quad (3.6)$$



Pour plus de facilité, nous noterons l'ensemble des classes d'individus sains  $x_S$  et celles d'individus infectés  $x_I$ .

$$\begin{aligned} x_I &= (x_1, \dots, x_m), \\ x_S &= (x_{m+1}, \dots, x_n). \end{aligned}$$

Le système 3.6 se réécrit donc,

$$\begin{pmatrix} \dot{x}_I \\ \dot{x}_S \end{pmatrix} = - \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_I \\ x_S - x_{S0} \end{pmatrix},$$

L'évolution du nombre d'individus infectés s'exprime comme,

$$\dot{x}_I = -Vx_I.$$

L'équation différentielle peut être résolue et nous obtenons ainsi,

$$x_I(t) = e^{-Vt} x_I(0). \quad (3.7)$$

Cette équation nous permet de connaître le nombre d'individus infectés au temps  $t$  sans compter les nouveaux cas puisque nous n'avons pas de réinfection. Nous pouvons intégrer  $Fx_I(t)$  de 0 à l'infini pour obtenir le nombre total de nouveaux individus infectés.

$$\int_0^\infty Fx_I(t) dt = FV^{-1}x_I(0).$$

Nous savons que  $F \geq 0$  et  $V^{-1} \geq 0$ , la matrice  $FV^{-1}$  a donc aussi tous ses éléments positifs,  $FV^{-1} \geq 0$ . La matrice  $FV^{-1}$  est appelée matrice de reproduction ou *Next-generation matrix*. Elle permet de déterminer le nombre d'individus qui seront infectés par un seul individu infectieux.

À présent, nous pouvons définir mathématiquement le taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ , comme le rayon spectral de la matrice de reproduction.

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}). \quad (3.8)$$

Nous allons vérifier que le taux de reproduction basique, comme nous le définissons ici, est toujours un indicateur du déclenchement d'une épidémie.

**Proposition 3.7.** *Le système (3.2) est asymptotiquement stable, au sens de Lyapunov, au point d'équilibre trivial sans individu infecté,  $x_0 \in X_S$ , si  $\mathcal{R}_0 < 1$  et instable si  $\mathcal{R}_0 > 1$ <sup>1</sup>.*

---

1. Démonstration à l'annexe B

Cette nouvelle définition du taux de reproduction basique exprime donc bien le même phénomène que précédemment, il permet de déterminer si une épidémie a lieu.

Nous pouvons vérifier que cette nouvelle définition nous donne toujours les mêmes résultats pour le modèle  $SIR$  du chapitre 2. Dans ce modèle, il n'y a qu'une seule catégorie de personnes infectées,  $I(t)$ . Nous devons déterminer les flux  $\mathcal{F}$  et  $\mathcal{V}$ . Nous voulons principalement les composants utiles pour déterminer  $F$  et  $V$ . Nous obtenons donc,

$$\mathcal{F}_I = rSI \text{ et } \mathcal{V}_I = aI,$$

où  $\mathcal{F}_I$  et  $\mathcal{V}_I$  sont les composants des vecteurs  $\mathcal{F}$  et  $\mathcal{V}$  qui correspondent au compartiment des individus infectés,  $I$ .

Nous pouvons donc déterminer  $F$  et  $V$  qui sont des sous-matrices des jacobiennes de  $\mathcal{F}$  et  $\mathcal{V}$  évaluées à l'équilibre trivial  $(S^*, I^*, R^*) = (N, 0, 0)$ . Dans le cas présent, nous obtenons deux scalaires,

$$F = rN \text{ et } V = a,$$

Nous pouvons donc évaluer le taux de reproduction basique,

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{r}{a}N. \quad (3.9)$$

Nous constatons que les équations (2.18) et (3.9) sont les mêmes, nous avons donc bien le même taux de reproduction basique avec cette nouvelle définition.

### 3.1.1 Taux de reproduction contrôlé

Certaines dispositions peuvent être prises pour lutter contre une épidémie comme un traitement ou une vaccination. Lorsque cela est le cas, nous pouvons définir le *taux de reproduction contrôlé* comme le nombre d'individus qui sont contaminés par un seul individu infecté. Cette définition revient donc à prendre le taux de reproduction basique en considérant les actions humaines. Le taux de reproduction contrôlé sera noté  $\mathcal{R}_C$  dans les sections suivantes.

## 3.2 Modèles avec temps d'incubation

Nous ajoutons ici un quatrième compartiment pour distinguer les individus infectés de ceux qui ont été exposés mais ne sont pas encore contagieux. Ainsi, un individu peut avoir contracté une infection mais ne pas encore être un danger pour les autres. Ce type de compartiment est utile avec les maladies qui ont une longue durée d'incubation et qui ne sont contagieuses qu'à l'apparition des premiers symptômes. Dans ce genre de cas, un individu qui a été exposé à une maladie ne présente pas directement de symptômes et n'est donc pas contagieux avant un certain temps. Nous notons le nombre d'individus qui ont été exposés,  $E(t)$ .

Comme pour les autres compartiments déjà utilisés précédemment, il est évident que le nombre d'individus de cette nouvelle classe est amené à changer au cours du temps. Nous gardons toujours constant le nombre total d'individus,

$$\forall t \quad S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N. \quad (3.10)$$

Avec ces quatre compartiments, nous pouvons construire deux modèles d'épidémie différents :

- $SEIR$ , où les individus rétablis gardent leur immunité,
- $SEIRS$ , où les individus rétablis perdent leur immunité.

Dans le cas où la période d'incubation est très courte, le groupe  $E(t)$  peut être négligé et les deux modèles,  $SEIR$  et  $SEIRS$ , peuvent être considérés comme les modèles à trois compartiments,  $SIR$  et  $SIRS$ .

### 3.2.1 Premier Modèle $SEIR$

Ce modèle est schématisé à la FIGURE 3.1.

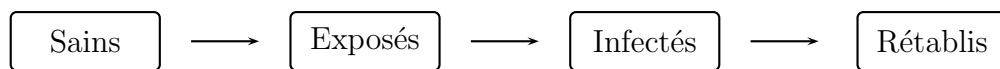


FIGURE 3.1 – Compartiments du modèle  $SEIR$

Ce modèle met en avant la période nécessaire pour qu'un individu sain soit infecté et donc infectieux.

Avant de pouvoir mettre ce modèle sous forme d'équations, nous devons définir le taux de transfert entre les groupes  $E$  et  $I$ . Ce taux sera proportionnel au nombre d'individus ayant été exposés. Ainsi nous obtenons,

$$\text{Taux de transfert exposés/infectés} \propto E(t)\Delta t$$

Notons que le taux de transfert entre les classes  $S$  et  $E$  est le taux que nous avons précédemment défini entre les groupes  $S$  et  $I$ . Le modèle peut alors s'exprimer par les équations différentielles suivantes,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t), \quad (3.11)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = rS(t)I(t) - cE(t), \quad (3.12)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = cE(t) - aI(t), \quad (3.13)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t), \quad (3.14)$$

où  $a$ ,  $c$  et  $r$  sont des réels positifs.

La valeur  $c$  correspond au taux de contamination ou, autrement dit, à la proportion d'individus exposés qui deviennent contaminés au cours d'une unité de temps. Le taux d'exposition  $r$  correspond au nombre d'individus sains qui auront été exposés à l'infection par un seul individu infecté au cours d'une unité de temps. Le paramètre  $a$  est le taux de guérison comme dans les sections précédentes.

Nous avons également les conditions suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (3.15)$$

$$E(0) = E_0, \quad (3.16)$$

$$I(0) = I_0, \quad (3.17)$$

$$R(0) = R_0, \quad (3.18)$$

où  $S_0$ ,  $I_0$ ,  $E_0$  et  $R_0$  sont positifs et la somme de  $I_0$  et  $E_0$  est strictement positive.

Intégrons numériquement un exemple pour avoir une idée de l'évolution du modèle (FIGURE 3.2).

Nous avons choisi une population de 764 individus dont un ayant été exposé. Nous avons également choisi les paramètres suivants,

- taux d'exposition :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,
- taux de contamination :  $c = 0.3$ ,
- taux de guérison :  $a = 0.44$ .

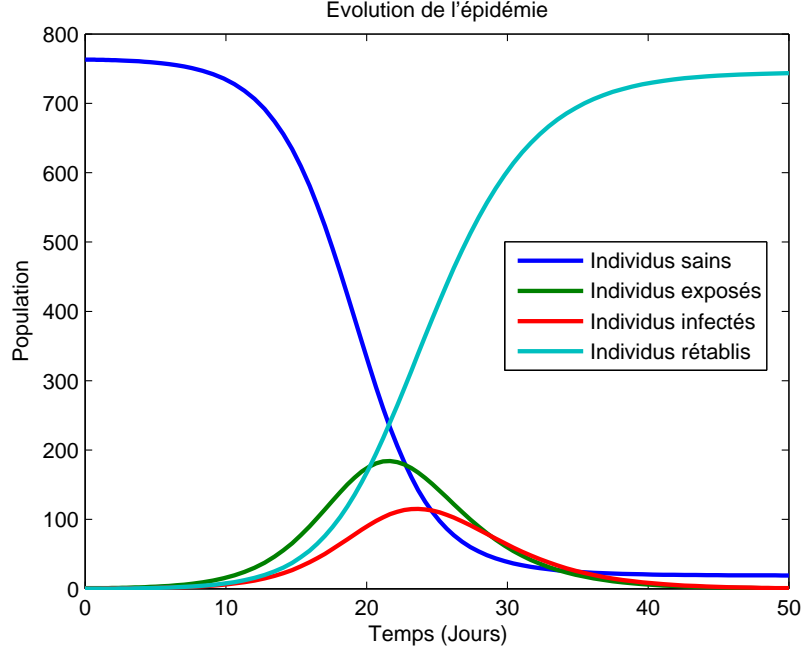


FIGURE 3.2 – Modèle  $SEIR$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $c = 0.3$  et  $a = 0.44$

Nous remarquons que le temps nécessaire au déclenchement de l'épidémie est plus élevé que pour le modèle  $SIR$  que nous avons précédemment intégré avec les mêmes taux  $r$  et  $a$  (FIGURE 1.5). Nous pouvons également observer que le pic d'individus infectés succède à celui des individus ayant été exposés. Nous pouvons enfin remarquer que, lorsque l'épidémie s'arrête, il y a une majorité d'individus rétablis et un nombre non nul d'individus sains n'ayant jamais été infectés.

Il serait intéressant de savoir si le nombre d'individus sains à la fin de l'épidémie est le même pour les modèles  $SIR$  et  $SEIR$ . Nous pouvons calculer le taux de reproduction basique de ce modèle grâce à la méthode vue à la section précédente. Nous prenons les compartiments  $E$  et  $I$  comme vecteur  $x_I$ . Nous devons d'abord calculer la matrice de reproduction. Commençons donc par déterminer  $\mathcal{F}$  et  $\mathcal{V}$  pour les compartiments  $E$  et  $I$ ,

$$\mathcal{F}_{E,I} = \begin{pmatrix} rSI \\ 0 \end{pmatrix} \text{ et } \mathcal{V}_{E,I} = \begin{pmatrix} cE \\ -cE \end{pmatrix}.$$

Si nous calculons les matrices jacobiniennes associées évaluées au point d'équilibre trivial  $(N, 0, 0, 0)$ , nous obtenons,

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta S \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \text{ et } V = \begin{pmatrix} c & 0 \\ -c & a \end{pmatrix}.$$

Nous pouvons donc déterminer la matrice de reproduction,

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{r}{a}N & \frac{r}{a}N \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

En conséquence, le taux de reproduction basique est,

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{r}{a}N.$$

Nous constatons immédiatement qu'il s'agit du même  $\mathcal{R}_0$  que pour le modèle *SIR*. L'ajout du compartiment *E* n'a donc que peu d'effet sur le comportement du modèle. Nous pouvons également comparer les modèles *SIR* et *SEIR* grâce à la relation de taille finale.

Pour cela, commençons par diviser l'équation (3.11) par  $S(t)$ ,

$$\frac{1}{S(t)} \frac{dS(t)}{dt} = -rI(t).$$

Et en intégrant par rapport à  $t$ , de 0 à l'infini,

$$\ln \frac{S_\infty}{S_0} = -r \int_0^\infty I(t) dt,$$

où  $S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ .

De plus, si nous intégrons la somme des équations (3.11)-(3.13) par rapport à  $t$ , de 0 à l'infini,

$$N - S_\infty = a \int_0^\infty I(t) dt.$$

En sommant les deux derniers résultats, nous obtenons la relation de taille finale pour le modèle *SEIR*,

$$\ln \frac{S_\infty}{S_0} = -\frac{r}{a}(N - S_\infty).$$

Nous remarquons directement que cette équation ne dépend pas du paramètre  $c$ . Nous constatons également que la relation de taille est la même pour les deux modèles *SIR* et *SEIR*. La modélisation d'une nouvelle classe, *E*, n'a pas d'impact non plus sur la finalité de l'épidémie.

Nous pouvons comparer le comportement global des modèles *SIR* et *SEIR* avec les FIGURES 3.3a et 3.3b. Pour ce faire, les compartiments *E* et *I* sont rassemblés.

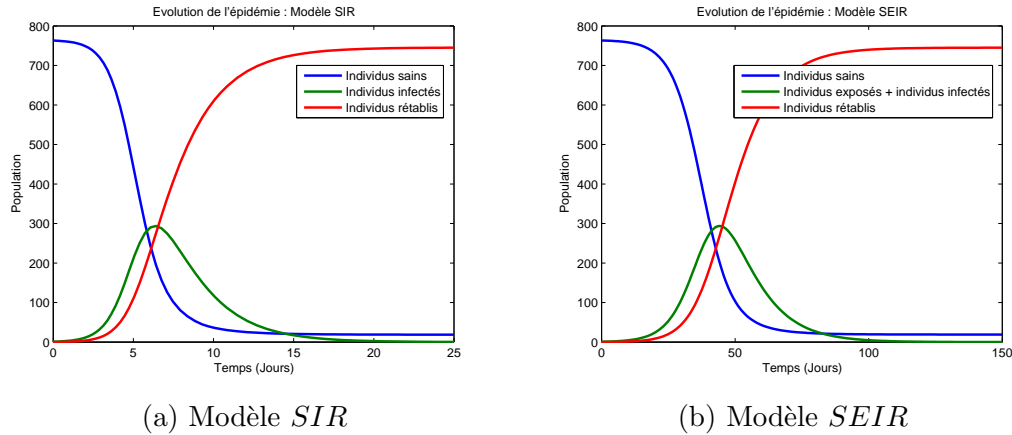


FIGURE 3.3 – Modèle *SIR* et *SEIR* :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $c = 0.3$  et  $a = 0.44$

Les mêmes paramètres  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$  et  $a = 0.44$  ont été utilisés pour l'intégration numérique des modèles *SIR* et *SEIR*. Nous avons, en plus, le paramètre  $c = 0.3$  pour le modèle avec temps d'incubation. Nous constatons que le comportement global est le même, comme nous pouvions le supposer après le calcul du taux de reproduction basique et de la relation de taille. Cependant, nous remarquons que les durées des deux épidémies sont sensiblement différentes. L'ajout d'un compartiment pour les individus infectés mais n'étant pas contagieux ne change que la vitesse de propagation.

### Modèle *SEIRS*

Comme précédemment, nous pouvons décider que l'immunité des individus rétablis n'est que temporaire. Le modèle peut alors se schématiser comme à la FIGURE 3.4.

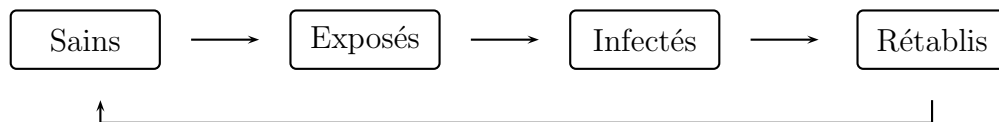


FIGURE 3.4 – Compartiments du modèle *SEIRS*

Ce modèle combine les modèles *SIRS* et *SEIR*, il prend forme par les équations suivantes,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t)I(t), \quad (3.19)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = rS(t)I(t) - cE(t), \quad (3.20)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = cE(t) - aI(t), \quad (3.21)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t), \quad (3.22)$$

où  $a$ ,  $b$ ,  $c$  et  $r$  sont des réels positifs.

Avec les conditions initiales suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (3.23)$$

$$E(0) = E_0, \quad (3.24)$$

$$I(0) = I_0, \quad (3.25)$$

$$R(0) = R_0, \quad (3.26)$$

où  $S_0$ ,  $I_0$ ,  $E_0$  et  $R_0$  sont positifs et la somme de  $I_0$  et  $E_0$  est strictement positive.

Les équilibres de ce système sont :

- un équilibre trivial,  $(S^*, E^*, I^*, R^*) = (N, 0, 0, 0)$ ,
- un équilibre non trivial,

$$\begin{aligned} S^* &= \frac{a}{r}, & I^* &= \frac{N - \frac{a}{r}}{1 + \frac{a}{c} + \frac{a}{b}}, \\ E^* &= \frac{N - \frac{a}{r}}{1 + \frac{c}{a} + \frac{c}{b}}, & R^* &= \frac{N - \frac{a}{r}}{1 + \frac{b}{a} + \frac{b}{c}}. \end{aligned}$$

Il est possible de montrer que ce point d'équilibre est asymptotiquement stable en calculant les valeurs propres de la matrice jacobienne.



Nous pouvons intégrer numériquement ce modèle (FIGURE 3.5).

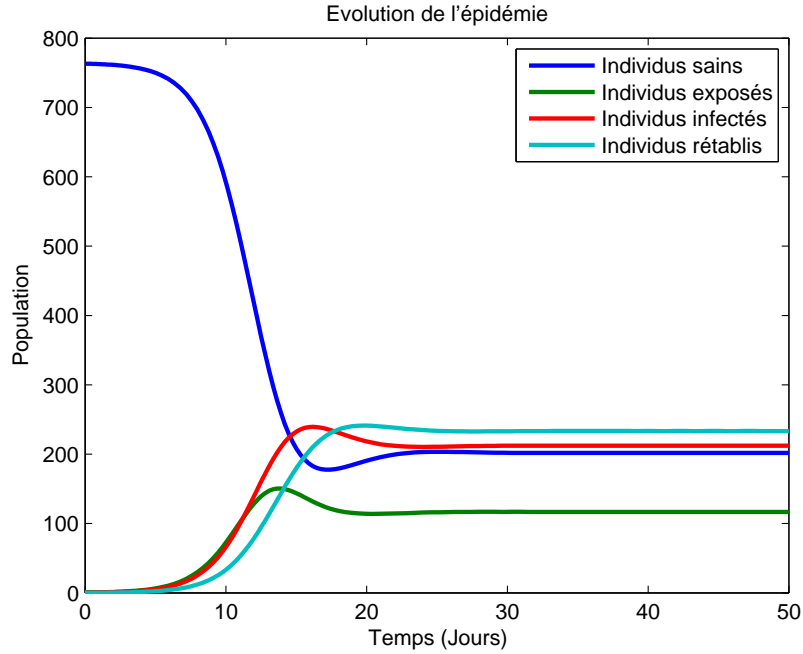


FIGURE 3.5 – Modèle  $SEIRS$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $c = 0.8$ ,  $b = 0.4$  et  $a = 0.44$

Nous avons choisi une population de 764 individus dont un ayant été exposé. Nous avons également pris les paramètres suivants :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $c = 0.8$ ,  $b = 0.4$  et  $a = 0.44$ . Avec ces paramètres, nous observons que le nombre d'individus sains diminue rapidement alors que ceux des trois autres classes augmentent. L'équilibre est rapidement atteint et correspond bien à ce que nous avons trouvé analytiquement,

$$(S^*, E^*, I^*, R^*) = (202, 117, 212, 233).$$

### 3.2.2 Deuxième modèle $SEIR$

Dans le modèle  $SEIR$  précédent, nous avons supposé que les personnes ayant été infectées ne sont pas directement contagieuses. Une autre modélisation est possible, nous pouvons considérer que ces individus sont légèrement contagieux. Les individus sains peuvent donc être contaminés par les individus infectés mais également ayant été exposés. Nous introduisons donc un nouveau paramètre  $e$  pour caractériser la diminution d'infectivité durant la période d'incubation.

Le modèle *SEIR* prend la forme suivante,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t) [I(t) + eE(t)] + bR(t), \quad (3.27)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = rS(t) [I(t) + eE(t)] - cE(t), \quad (3.28)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = cE(t) - aI(t), \quad (3.29)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t) - bR(t), \quad (3.30)$$

où  $a$ ,  $b$ ,  $c$ ,  $e$  et  $r$  sont des réels positifs. Nous gardons les mêmes conditions initiales (3.15)-(3.18) du modèle *SEIR* présenté à la section précédente.

Comme pour les modèles précédents, nous réalisons une intégration numérique pour illustrer le comportement de ce nouveau modèle *SEIR*, nous pouvons voir le résultat à la FIGURE 3.6.

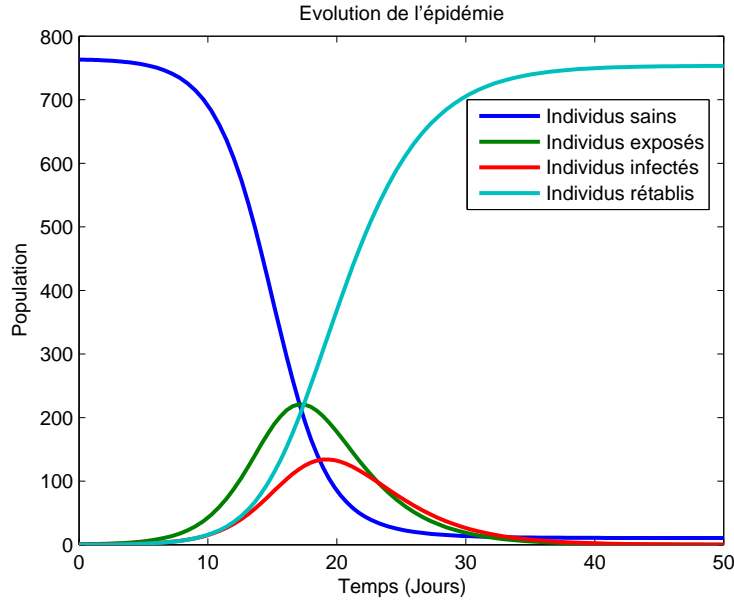


FIGURE 3.6 – Deuxième modèle *SEIR* :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $c = 0.3$ ,  $e = 0.1$  et  $a = 0.44$

Les paramètres pour cette intégration numérique sont les mêmes que dans la section précédente et  $e = 0.1$ . Le comportement de ce modèle ressemble à celui du premier modèle *SEIR* présenté. Nous remarquons cependant que le pic épidémique semble plus faible et que l'épidémie prend fin plus tôt avec moins d'individus sains encore présents dans la population.

Afin de comparer, de manière plus formelle, ce nouveau modèle *SEIR* avec l'ancien, calculons le taux de reproduction basique,  $\mathcal{R}_0$ . Les catégories qui nous intéressent et que nous considérons comme infectées sont  $E$  et  $I$ , comme précédemment. Nous obtenons ainsi,

$$F = \begin{pmatrix} reN & rN \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \text{ et } V = \begin{pmatrix} c & 0 \\ -c & a \end{pmatrix},$$

ce qui nous permet de déterminer la matrice de reproduction,

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{re}{c}N + \frac{r}{a}N & \frac{r}{a}N \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Finalement, nous obtenons le taux de reproduction basique en prenant le rayon spectral de cette matrice,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{re}{c}N + \frac{r}{a}N. \quad (3.31)$$

Nous pouvons également calculer la relation de taille finale. Commençons par intégrer la somme des équations (3.27)-(3.29), de 0 à l'infini, nous obtenons ainsi,

$$N - S_\infty = a \int_0^\infty I(t) dt.$$

En utilisant l'équation (3.29), nous déterminons que,

$$c \int_0^\infty E(t) dt = a \int_0^\infty I(t) dt - I_0.$$

Finalement, en intégrant l'équation (3.27) divisée par  $S(t)$ , de 0 à l'infini,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = \mathcal{R}_0 \left[ 1 - \frac{S_\infty}{N} \right] - \frac{be}{c} I_0.$$

Une première différence avec le modèle *SEIR* précédent est la modification du taux de reproduction basique. En effet, nous avons ici un taux qui sera plus grand que précédemment. Il y aura donc plus d'individus infectés au début de l'épidémie avec le deuxième modèle. Ainsi, il est plus enclin au déclenchement d'une épidémie. Une autre différence est la forme de la relation de taille. Dans le cas du deuxième modèle, nous observons que le nombre d'individus infectés au premier instant a une incidence sur le résultat final.

### 3.3 Interventions contre la propagation

À l'heure actuelle, la médecine permet de prévenir ou de guérir certaines maladies. Dans cette section, nous allons voir comment nous pouvons modéliser les actions humaines qui luttent contre les épidémies. Nous analysons ainsi l'effet d'un traitement, de la vaccination et de la mise en quarantaine. Nous verrons qu'il existe plusieurs modélisations possibles et qu'il est facile d'adapter les modèles des chapitres 2 et 3 à cette nouvelle problématique.

#### 3.3.1 Modèles avec traitement

En plus de modéliser les différents aspects propres à l'infection, il est possible de modéliser certaines actions que l'homme peut entreprendre pour tenter de contenir, ralentir ou stopper l'épidémie. Ainsi, nous commençons par modéliser et analyser l'effet qu'un traitement a sur l'évolution d'une épidémie. Pour ce faire, nous ajoutons un compartiment spécifique aux individus traités au modèle *SIR*. Nous pouvons donc modéliser l'épidémie avec la FIGURE 3.7.



FIGURE 3.7 – Compartiments du modèle *SITR*

Le traitement a deux effets possibles sur les individus :

- Réduire la durée de l'infection,
- Réduire le taux de transmission entre les individus.

Nous avons trois nouveaux paramètres :  $b$ ,  $c$  et  $u$ . Le paramètre  $b$  correspond à la diminution de l'infectiosité d'un individu traité. Le  $c$  est le taux de transfert des individus infectés vers les traités. Finalement, le paramètre  $u$  est le taux de guérison des individus traités. Ce dernier paramètre sera globalement plus grand que  $a$  puisque le traitement accélère généralement la guérison.

Le modèle s'exprime donc sous la forme suivante,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t) [I(t) + bT(t)], \quad (3.32)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = rS(t) [I(t) + bT(t)] - (c + a)I(t), \quad (3.33)$$

$$\frac{dT(t)}{dt} = cI(t) - uT(t), \quad (3.34)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = aI(t) + uT(t), \quad (3.35)$$

où  $a$ ,  $b$ ,  $c$ ,  $r$  et  $u$  sont des réels positifs. Avec les conditions initiales suivantes,

$$S(0) = S_0, \quad (3.36)$$

$$I(0) = I_0, \quad (3.37)$$

$$T(0) = T_0, \quad (3.38)$$

$$R(0) = R_0. \quad (3.39)$$

Une intégration numérique nous permet d'avoir une idée du comportement de ce modèle, comme illustré à la FIGURE 3.8.

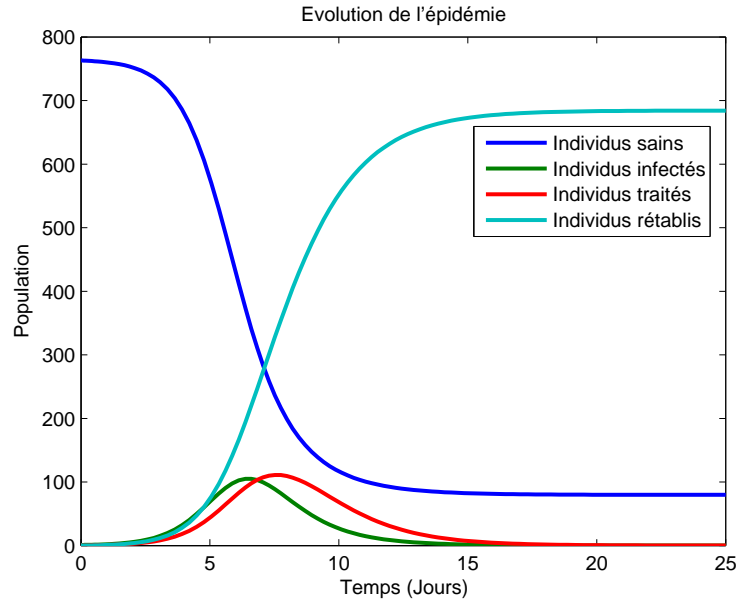


FIGURE 3.8 – Modèle  $SITR$  :  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $a = 0.44$ ,  $b = 0.8$ ,  $u = 0.7$  et  $c = 0.9$

Il est possible de déterminer le taux de reproduction contrôlé pour ce modèle. Nous avons les matrices suivantes,

$$F = \begin{pmatrix} rN & rbN \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \text{ et } V = \begin{pmatrix} (c+a) & 0 \\ -c & u \end{pmatrix}.$$

Cela nous permet de calculer le taux de reproduction contrôlé,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{rN}{a+\gamma} + \frac{\gamma}{a+\gamma} \frac{r\delta N}{\eta}. \quad (3.40)$$

La relation de taille finale pour le modèle *SITR* est donnée par l'équation suivante,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = \mathcal{R}_0 \left[ 1 - \frac{S_\infty}{N} \right]. \quad (3.41)$$

Nous remarquons la similitude avec la relation de taille du modèle *SIR* donnée par l'équation (2.18). Ainsi, pour un même taux de reproduction basique les modèles *SIR* et *SITR* ont la même issue.

### 3.3.2 Modèles avec vaccination

Chaque année, avant la saison de la grippe, des campagnes de vaccination sont organisées. Ce type de prévention est possible pour un grand nombre de maladies et permet d'éviter des épidémies. Dans cette section, nous allons voir comment nous pouvons modéliser cette action humaine.

#### Première modélisation

Une première manière d'opérer est de considérer qu'un individu vacciné devient totalement insensible à la maladie. Dans ce cas, l'effet de la vaccination de masse diminue le nombre de personnes susceptibles d'être infectées dans la population. Si nous ne considérons plus ces individus, nous avons une diminution du nombre  $N$ . Analysons comment le modèle *SIR*, équations (2.1)-(2.3), se comporte si  $N$  diminue. Nous avons tout d'abord le taux de reproduction basique,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{r}{a}N,$$

qui va diminuer en même temps que  $N$ . Une épidémie peut donc être évitée si ce taux diminue suffisamment pour être inférieur à 1. À partir du moment où une proportion de  $1 - \frac{a}{r}$  de la population est vaccinée, le nombre d'individus infectés va décroître.

Regardons la relation de taille,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = \mathcal{R}_0 \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right).$$

Nous pouvons calculer numériquement la valeur de  $S_\infty$  en fonction de  $N$ , nous obtenons la FIGURE 3.9.

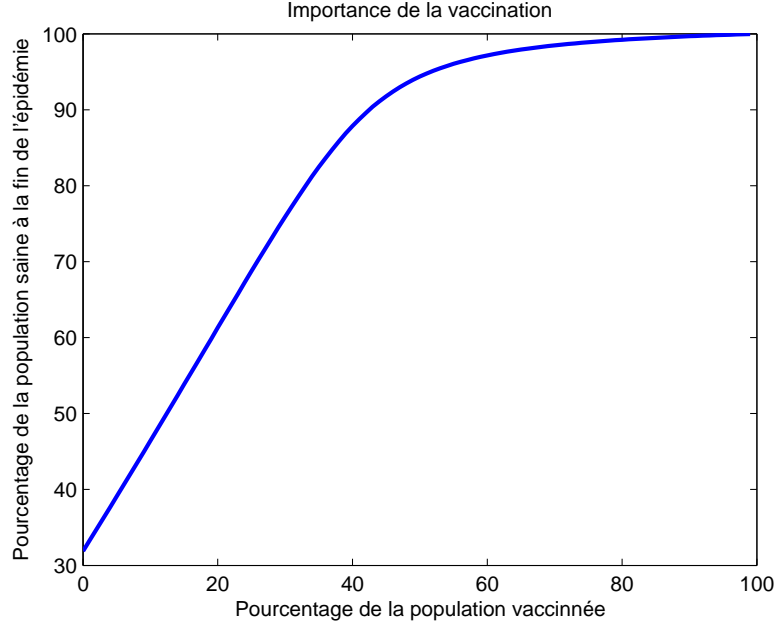


FIGURE 3.9 – Vaccination : Modèle  $SIR$  avec  $a = 2.82$  et  $r = 0.0177$

Les paramètres utilisés à la FIGURE 3.9 sont les mêmes que pour l'illustration du modèle  $SIR$  à la section 2.7 :  $a = 2.82$  et  $r = 0.0177$ . Nous constatons que, sans vaccination, il n'y a que 83 individus parmi 261 qui n'ont pas été infectés, soit 31.9% de la population. Si 20% de la population avait été vaccinée avant le déclenchement de l'épidémie, il y aurait eu 61,3% d'individus toujours sains. Ce chiffre monte à 95.4% avec la vaccination de 50% de la population. Nous avons ici un résultat très intéressant, il ne faut pas vacciner l'entièreté de la population pour éviter une épidémie. Lors des campagnes de vaccination, il est impossible d'atteindre l'ensemble de la population. Mais nous constatons que cela n'est pas important tant qu'il y a assez de personnes vaccinées.

D'une part, la vaccination protège directement les individus sains et, d'autre part, elle permet d'augmenter le nombre d'individus sains à la fin de l'épidémie,  $S_\infty$ . Si nous regardons la FIGURE 3.9, nous constatons que, dans les premiers temps, la vaccination diminue le nombre d'individus infectés de manière linéaire. Nous allons déterminer analytiquement cette diminution. Celle-ci est donc constituée de deux facteurs, une diminution de  $N$  et une augmentation de  $S_\infty$ . La diminution de  $N$  correspond aux individus vaccinés, nous avons donc,

$$\frac{dS_{\infty,1}}{dN} = 1, \quad (3.42)$$

où  $S_{\infty,1}$  correspond aux individus toujours sains en fin d'épidémie parce qu'ils ont été vaccinés.

La vaccination a également comme effet de diminuer la puissance de l'épidémie. Certains individus non-vaccinés vont être épargnés alors qu'ils auraient été contaminés si aucune vaccination n'avait été faite. Partons de la relation de taille,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = \mathcal{R}_0 \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right).$$

Nous supposons que  $S_0 = N$ , nous avons donc,

$$\ln \frac{N}{S_\infty} = \frac{r}{a} N \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right).$$

Nous cherchons à évaluer l'effet de la diminution de  $N$  sur  $S_\infty$ . Commençons par dériver la relation de taille par rapport à  $N$ ,

$$\frac{d}{dN} \left( \ln \frac{N}{S_\infty} \right) = \frac{d}{dN} \left( \frac{r}{a} N \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right) \right).$$

Nous obtenons ainsi,

$$\frac{dS_{\infty,2}}{dN} = \frac{\frac{r}{a} - \frac{1}{N}}{\frac{r}{a} - \frac{1}{S_\infty}},$$

où  $S_{\infty,2}$  est le nombre d'individus toujours sains en fin d'épidémie sans avoir été vaccinés. La variation du nombre d'individus sains en fonction du nombre d'individus non-vaccinés est donc,

$$\frac{dS_\infty}{dN} = 1 + \frac{\frac{r}{a} - \frac{1}{N}}{\frac{r}{a} - \frac{1}{S_\infty}}, \quad (3.43)$$

Nous pouvons confronter ce résultat à la FIGURE 3.9. Nous avons initialement :  $N = 261$ ,  $a = 2.82$  et  $r = 0.0177$  et, en l'absence de vaccination,  $S_\infty = 83$ . Nous obtenons donc, avec l'équation (3.43),

$$\frac{dS_\infty}{dN} = -1.4237.$$

Nous faisons diminuer  $N$  en vaccinant une partie de la population. Ainsi, nous nous intéressons à,

$$-\frac{dS_\infty}{dN} = 1.4237.$$

Si nous regardons l'exemple, nous avons 31.9% de la population qui n'est pas infectée si aucun individu n'est vacciné. Ce nombre monte à 61.3% avec la vaccination de 20% de la population. La pente du graphe est donc de

$$p = \frac{61.3 - 31.9}{20} = 1.47.$$

Nous obtenons donc bien les mêmes résultats par méthodes analytique et expérimentale.



## Deuxième modélisation

Le seconde méthode est de considérer que la vaccination n'est pas parfaite. La vaccination diminue le risque de contagion et accélère la vitesse de guérison. Pour ce faire, nous pouvons diviser la population en deux. Nous avons alors un nombre d'individus vaccinés,  $N_V$ , et de non-vaccinés,  $N_N$  avec le respect de la condition  $N = N_N + N_V$ . Le modèle *SIR* classique peut donc être reformulé de la manière suivante,

$$\frac{dS_N(t)}{dt} = -rS_N(t) [I_N(t) + dI_V(t)], \quad (3.44)$$

$$\frac{dS_V(t)}{dt} = -rkS_V(t) [I_N(t) + dI_V(t)], \quad (3.45)$$

$$\frac{dI_N(t)}{dt} = rS_N(t) [I_N(t) + dI_V(t)] - a_N I_N(t), \quad (3.46)$$

$$\frac{dI_V(t)}{dt} = rkS_V(t) [I_N(t) + dI_V(t)] - a_V I_V(t), \quad (3.47)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = a_V I_V(t) + a_N I_N(t), \quad (3.48)$$

où les paramètres  $a_N$  et  $a_V$  sont les taux de guérison sans puis avec vaccination,  $d$  est la diminution d'infectiosité des individus contagieux grâce au vaccin et  $k$  est la diminution de sensibilité des individus vaccinés face à l'infection.

Nous avons également les conditions initiales suivantes,

$$S_N(0) + I_N(0) = N_N, \quad (3.49)$$

$$S_V(0) + I_V(0) = N_V, \quad (3.50)$$

$$R(0) = 0. \quad (3.51)$$

Notons que les individus rétablis,  $R(t)$ , n'ont pas été séparés en deux groupe, puisqu'ils n'ont pas d'impact sur le reste de la population.

Une intégration numérique du modèle nous permet d'avoir une idée de son comportement. Les résultats sont représentés à la FIGURE 3.10.

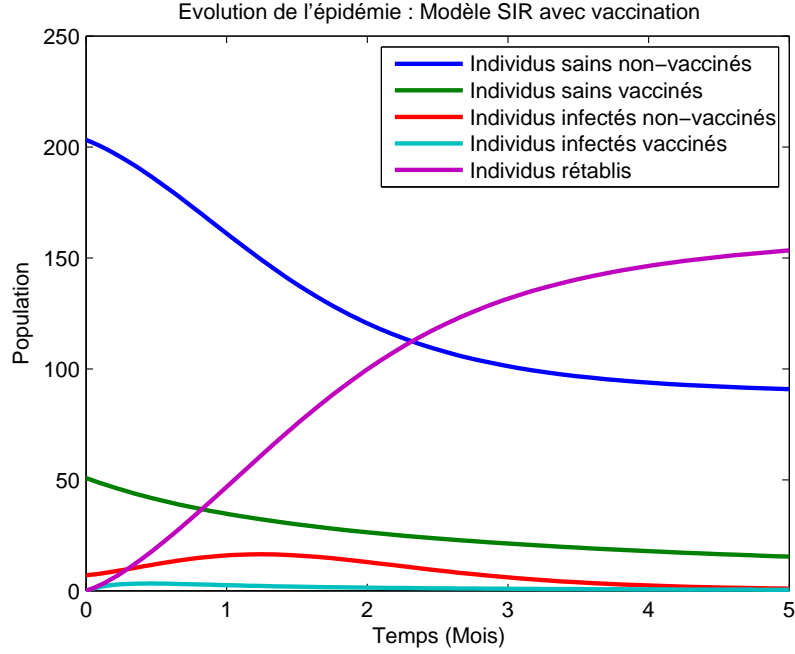


FIGURE 3.10 – Modèle *SIR* avec 20% de vaccination :  $a = 2.82$  et  $r = 0.0177$

Sur la FIGURE 3.10, nous pouvons observer que les groupes d'individus vaccinés et non-vaccinés se comportent de manière similaire. Les paramètres d'intégration sont les mêmes que ceux utilisés pour l'illustration de la section 2.7 et nous avons pris 20% de personnes vaccinées dans la population. Le nombre d'individus sains,  $S_N$  et  $S_V$ , va diminuer puis se stabiliser, celui des individus infectés,  $I_N$  et  $I_V$ , va augmenter puis diminuer jusqu'à être nul.

Nous pouvons calculer le taux de reproduction contrôlé pour ce modèle avec vaccination. Nous avons ici deux compartiments d'individus sains et deux compartiments d'individus infectés. Le calcul des matrices  $F$  et  $V$  de la section 3.1 nous donne,

$$F = \begin{pmatrix} rN_N & rdN_N \\ rkN_V & rkdN_V \end{pmatrix} \text{ et } V = \begin{pmatrix} a_N & 0 \\ 0 & a_V \end{pmatrix}.$$

Le taux de reproduction contrôlé est donc,

$$\mathcal{R}_C = \frac{rN_N}{a_N} + \frac{rkdN_V}{a_V}. \quad (3.52)$$

Notons que, si aucun individu n'est vacciné,  $N_V = 0$ ; nous obtenons que le taux de reproduction contrôlé correspond au taux de reproduction basique. Sans intervention humaine, ces deux taux de reproduction sont donc bien les mêmes.

Nous pouvons également calculer la relation de taille. Pour ce faire, partons de la somme des équations (3.44) et (3.46),

$$\frac{dS_N(t)}{dt} + \frac{dI_N(t)}{dt} = -a_N I_N.$$

Si nous intégrons en  $t$ , de 0 à l'infini,

$$S_N(\infty) - N_N = -a_N \int_0^\infty I_N(\tau) d\tau.$$

Un résultat similaire peut être trouvé avec les équations (3.45) et (3.47),

$$S_V(\infty) - N_V = -a_V \int_0^\infty I_V(\tau) d\tau.$$

D'autre part, en supposant que  $S_N(\infty) > 0$ , nous intégrons l'équation (3.44),

$$\ln \frac{S_N(0)}{S_N(\infty)} = r \int_0^\infty I_N(\tau) d\tau + rd \int_0^\infty I_V(\tau) d\tau.$$

En combinant les trois derniers résultats, nous obtenons :

$$\ln \frac{S_N(0)}{S_N(\infty)} = \frac{rN_N}{a_N} \left[ 1 - \frac{S_N(\infty)}{N_N} \right] + \frac{rdN_V}{a_V} \left[ 1 - \frac{S_V(\infty)}{N_V} \right].$$

De la même manière, nous avons également,

$$\ln \frac{S_V(0)}{S_V(\infty)} = \frac{rkN_N}{a_N} \left[ 1 - \frac{S_N(\infty)}{N_N} \right] + \frac{rk dN_V}{a_V} \left[ 1 - \frac{S_V(\infty)}{N_V} \right].$$

Nous avons deux équations pour la relation de taille. Néanmoins, il est possible de les réécrire sous forme vectorielle,

$$\begin{pmatrix} \ln \frac{S_N(0)}{S_N(\infty)} \\ \ln \frac{S_V(0)}{S_V(\infty)} \end{pmatrix} = K \begin{pmatrix} 1 - \frac{S_N(\infty)}{N_N} \\ 1 - \frac{S_V(\infty)}{N_V} \end{pmatrix}, \quad (3.53)$$

où  $K$  est la matrice de reproduction du système,

$$K = FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{rN_N}{a_N} & \frac{rdN_V}{a_V} \\ \frac{rkN_N}{a_N} & \frac{rk dN_V}{a_V} \end{pmatrix}. \quad (3.54)$$

En regroupant les compartiments d'individus sains ensemble ainsi que ceux des individus infectés, nous pouvons comparer les comportements de ce modèle et du

modèle *SIR* classique.

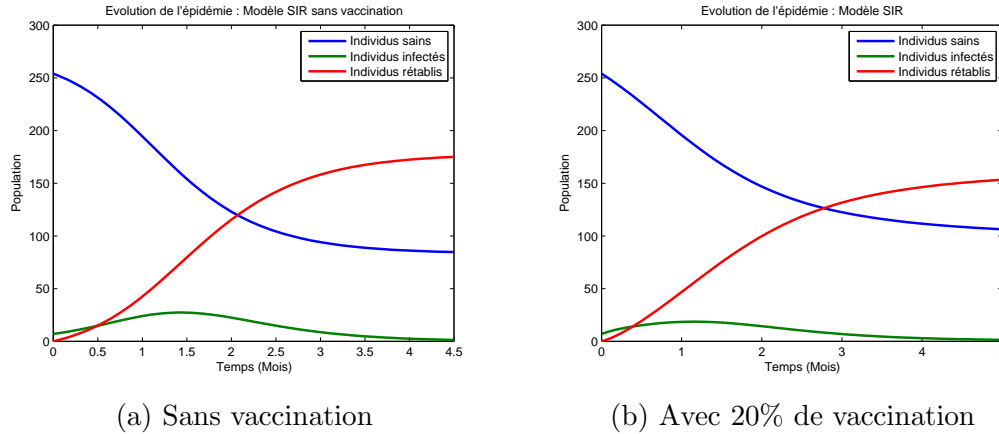


FIGURE 3.11 – Modèle *SIR* avec et sans vaccination :  $a = 2.82$  et  $r = 0.0177$

Les FIGURES 3.11a et 3.11b reprennent les résultats des intégrations numériques du modèle *SIR* avec et sans vaccination. Nous constatons que les deux modèles ont un comportement qualitatif similaire. Au niveau quantitatif, nous observons que le modèle avec vaccination entraîne moins de nouveaux infectés au cours de l'épidémie. Notons qu'avec une vaccination de 20% de la population, ce modèle obtient 40.7% de population saine à la fin de l'épidémie. Ce chiffre est nettement inférieur au résultat obtenu avec le premier modèle de vaccination. Nous avons, à ce moment là, 61.3% de la population toujours saine. Cela s'explique par le fait que nous considérons ici que la vaccination n'est pas parfaite.

### 3.3.3 Modèle avec mise en quarantaine

Le modèle avec mise en quarantaine est le plus complexe des modèles présentés dans cette section. Il contient six compartiments. Nous avons toujours la distinction des individus sains, exposés, infectés et rétablis. En plus, nous ajoutons la possibilité de mise en quarantaine. Le principe est que les individus ayant été exposés à l'infection, mais ne présentant pas encore de symptômes, sont confinés ensemble. Les individus en quarantaine ne sont donc pas considérés comme infectés. Le but est de séparer les porteurs potentiels de l'infection du reste de la population. Lorsque les symptômes apparaissent sur un individu en quarantaine, celui-ci est directement hospitalisé et isolé. Nous avons deux nouveaux compartiments, pour les individus en quarantaine,  $Q(t)$ , et pour les individus hospitalisés,  $J(t)$ .

Ce modèle est schématisé à la FIGURE 3.12.

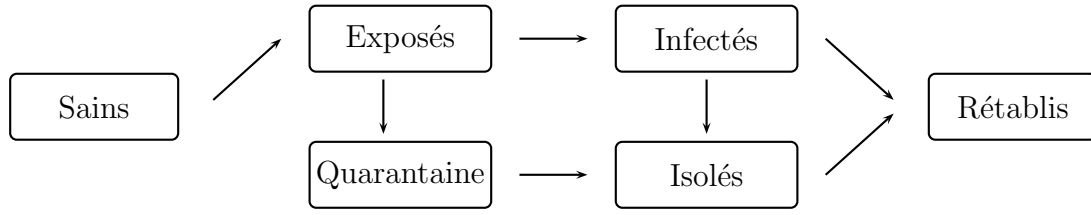


FIGURE 3.12 – Compartiments du modèle  $SEQIJR$

Nous supposons que l'infection considérée est contagieuse avant l'apparition des symptômes et que la mise en quarantaine et l'isolation des individus hospitalisés ne sont pas parfaites. Ces individus peuvent donc contaminer la population malgré les mesures prises. Les taux de contagion par des individus en quarantaine et isolés sont réduits d'un facteur  $e_Q$  et  $e_J$ .

$$\frac{dS(t)}{dt} = -rS(t) [e_E E(t) + e_E e_Q Q(t) + I(t) + e_J J(t)], \quad (3.55)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = rS(t) [e_E E(t) + e_E e_Q Q(t) + I(t) + e_J J(t)] - [c_E + g_Q] E(t), \quad (3.56)$$

$$\frac{dQ(t)}{dt} = g_Q E(t) - c_Q Q(t), \quad (3.57)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = c_E E(t) - [a_I + g_J] I(t), \quad (3.58)$$

$$\frac{dJ(t)}{dt} = c_Q Q(t) + g_J I(t) - a_J J(t), \quad (3.59)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = a_I I(t) + a_J J(t), \quad (3.60)$$

avec les nouveaux paramètres suivants :

- $e_E$ ,  $e_Q$  et  $e_J$  les réductions d'infectivité des individus exposés, en quarantaine et hospitalisés,
- $c_E$  et  $c_Q$  les taux de contamination des individus exposés et en quarantaine,
- $g_Q$  et  $g_J$  les taux de transfert des individus exposés et infectés respectivement vers une mise en quarantaine ou une hospitalisation,
- $a_I$  et  $a_J$  les taux de guérison des individus infectés ou hospitalisés.

Nous prendrons comme conditions initiales,

$$\begin{aligned} S(0) &= S_0, & E(0) &= E_0, \\ Q(0) &= Q_0, & I(0) &= I_0, \\ J(0) &= J_0, & R(0) &= R_0, \end{aligned}$$

où  $S_0$  et  $R_0$  sont positifs et la somme de  $E_0$ ,  $Q_0$ ,  $I_0$  et  $J_0$  est strictement positive.

Comme précédemment, nous pouvons réaliser une intégration numérique pour observer le comportement de ce modèle. Étant donné le nombre de paramètres, nous réalisons quatre intégrations différentes à la FIGURE 3.12.

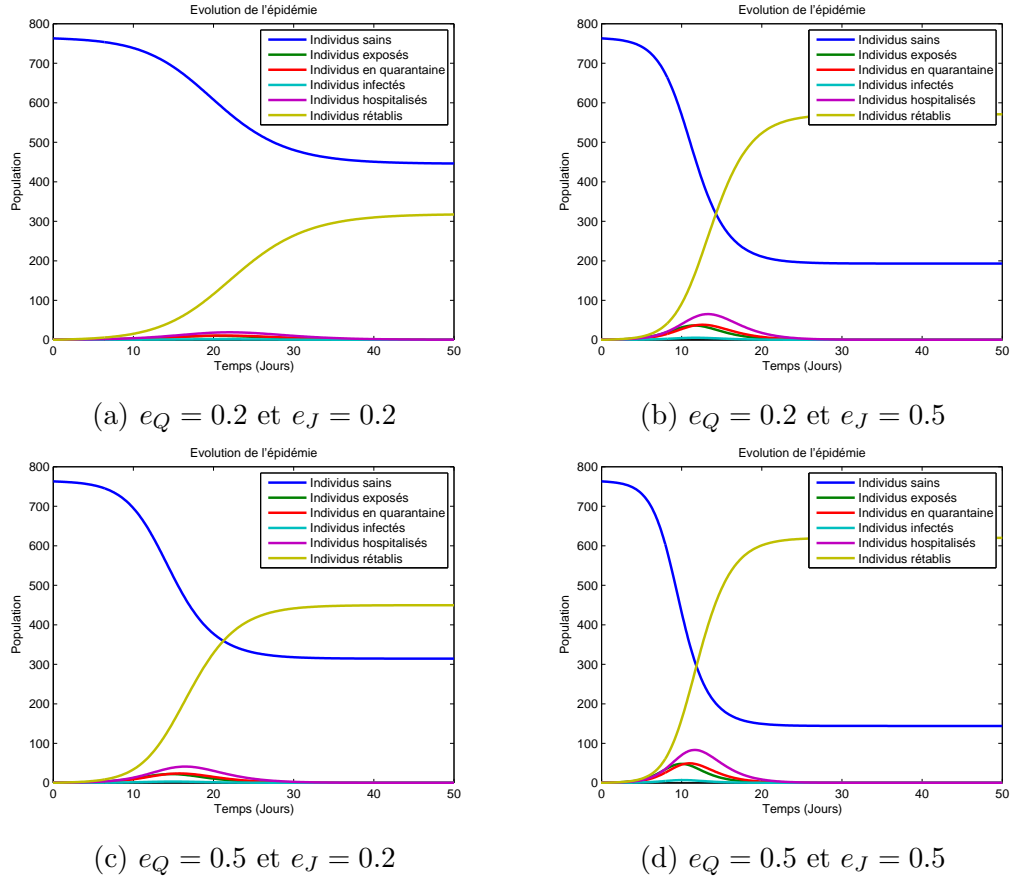


FIGURE 3.13 – Modèle  $SEQIIR$  :  $a_I = 0.44$ ,  $a_J = 0.88$ ,  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $e_E = 0.7$ ,  $c_E = 0.8$ ,  $c_Q = 0.9$ ,  $g_Q = 1$  et  $g_J = 5$

Pour les intégrations de la FIGURE 3.12, nous avons pris les paramètres suivants :  $a_I = 0.44$ ,  $a_J = 0.88$ ,  $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ ,  $e_E = 0.7$ ,  $c_E = 0.8$ ,  $c_Q = 0.9$ ,  $g_Q = 1$  et  $g_J = 5$ . Nous avons choisi de faire varier la diminution de l'infektivité due à la quarantaine et due à l'hospitalisation. Ces paramètres ne dépendent pas de la maladie mais de l'efficacité de la mise en quarantaine. Nous observons que le comportement du modèle  $SEQIIR$  varie beaucoup en fonction de ces paramètres. Lorsque  $e_Q = 0.2$  et  $e_J = 0.2$ , l'épidémie est évitée et il n'y a que peu de personnes infectées. Par contre, si  $e_Q = 0.5$  et  $e_J = 0.5$ , le comportement est très différent et il y a beaucoup plus de personnes qui sont infectées. Nous remarquons que, pour toutes les intégrations, le compartiment des individus hospitalisés est le compartiment infecté qui a le plus haut pic. La plupart des individus sont donc hospitalisés avant de guérir. Nous observons également qu'il n'y a que très peu de personnes infectées qui ne sont pas isolées.

Nous pouvons également calculer le taux de reproduction contrôlé,

$$\mathcal{R}_C = \frac{e_{Er}N}{D_1} + \frac{rNc_E}{D_1D_2} + \frac{e_Qe_{Er}Ng_Q}{D_1c_Q} + \frac{e_{Jr}Nc_Eg_J}{a_JD_1D_2} + \frac{e_{Jr}Ng_Q}{a_JD_1}, \quad (3.61)$$

où  $D_1 = g_Q + c_E$  et  $D_2 = g_J + a_I$ .

La relation de taille peut donc être écrite sous la forme,

$$\ln \frac{S_0}{S_\infty} = \mathcal{R}_C \left( 1 - \frac{S_\infty}{N} \right). \quad (3.62)$$

Nous remarquons directement la similitude de cette équation avec la relation de taille du modèle *SIR* (2.18). La seule différence est le taux de reproduction contrôlé. Cela nous permet de voir directement comment les paramètres vont influencer l'évolution de l'épidémie : son début avec le taux de reproduction contrôlé et sa fin avec la relation de taille (voir section 2.1). Par exemple, une hospitalisation rapide va se traduire par un paramètre  $g_J$  élevé et donc une diminution de  $\mathcal{R}_C$ , ce qui va entraîner une diminution du nombre d'individus infectés.

Ce modèle possède un grand nombre de paramètres, il est donc difficile de l'utiliser. Nous avons pourtant la même relation de taille que pour le modèle *SIR*. Il est possible d'utiliser un modèle plus simple en prenant des paramètres ajustés pour modéliser de mêmes effets. Nous préférons une modélisation simple à une modélisation complète. Nous devons choisir le type de modèle utilisé en fonction de la maladie traitée mais également en fonction des résultats que nous souhaitons observer. Des équations simples donnent des résultats très intéressants alors qu'un système trop compliqué peut être irréaliste dans son adaptation à des données réelles.

Dans ce chapitre, nous avons montré qu'il est possible d'ajouter des compartiments pour modéliser au mieux la réalité. Cependant, un ajout trop massif peut entraîner une perte dans l'interprétation du modèle, avec un taux de reproduction trop complexe ou un trop grand nombre de paramètres. Dans le chapitre suivant, nous ajoutons une dimension spatiale au modèle *SIR*.

Il existe d'autres méthodes pour lutter contre la propagation d'une épidémie, comme par exemple, la diffusion d'informations. Les individus informés n'ont pas le même comportement que les autres et ils sont alors moins enclins à contracter la maladie. Nous avons noté que les modèles épidémiologiques à compartiments pouvaient être adaptés à la diffusion d'une information en elles-mêmes, hors contexte d'épidémie. Une manière de considérer le comportement des individus face à l'information, lors d'une épidémie, est alors de combiner plusieurs modèles à compartiments différents, l'un pour la diffusion de l'information, l'autre pour la maladie [10].

# Chapitre 4

## Modèles épidémiologiques avec diffusion dans l'espace

Dans ce chapitre, nous allons introduire une notion spatiale. Ainsi, nous simulerons le déplacement des individus avec l'utilisation de l'opérateur laplacien et nous modéliserons également la propagation au travers d'agents infectieux tels que les animaux ou les insectes.

### 4.1 Déplacement des individus

Dans cette section, nous considérons que les individus se déplacent. Pour ce faire, nous repartons du modèle *SIR* classique de Kermack-McKendrick et ajoutons un terme de diffusion. Pour ce faire, nous nous basons sur le livre de J. D. Murray [9].

Soient  $S$ ,  $I$  et  $R$  les nombres d'individus sains, infectés et rétablis. Toutes ces quantités dépendent du temps  $t$  mais également de la position spatiale. Nous introduisons donc la diffusion des individus via l'opérateur laplacien, noté  $\nabla^2$  par la suite.

Considérons le système suivant,

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -\beta SI + D\nabla^2 S, \quad (4.1)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta SI - \mu I + D\nabla^2 I, \quad (4.2)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \mu I + D\nabla^2 R, \quad (4.3)$$

où  $\beta$ ,  $\mu$  et  $D$  sont des réels positifs. Le paramètre  $D$  est le coefficient de diffusion. Nous supposons donc que tous les individus, sains, infectés ou rétablis, se déplacent de la même manière.



Notons que nous utilisons ici l'alphabet grec pour les paramètres liés à l'épidémiologie afin d'éviter toute confusion. La lettre  $r$  n'est plus utilisée comme taux de contamination mais pour désigner une distance. Nous prenons cette convention pour l'ensemble du chapitre.

Pour plus de simplicité, nous pouvons considérer le déplacement suivant un axe unique, la diffusion se fait donc dans une seule direction. En notant  $r$  la distance par rapport à l'origine de l'épidémie, nous obtenons le modèle suivant,

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -\beta SI + D \frac{\partial^2 S}{\partial r^2}, \quad (4.4)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta SI - \mu I + D \frac{\partial^2 I}{\partial r^2}, \quad (4.5)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \mu I + D \frac{\partial^2 R}{\partial r^2}, \quad (4.6)$$

où  $\beta, \mu$  et  $D$  sont des réels positifs.

Nous ajoutons les conditions initiales suivantes,

$$S(0, r) = S_0 \quad \forall r \geq 0, \quad (4.7)$$

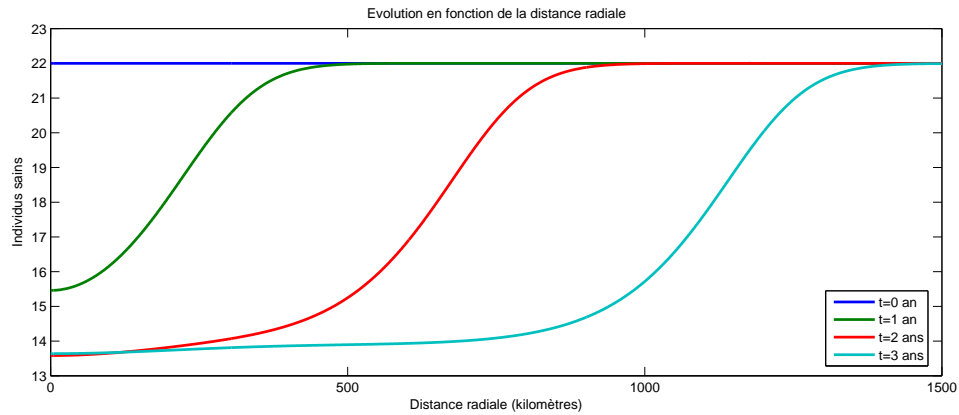
$$I(0, r) = 0 \quad \forall r > d^*, \quad (4.8)$$

$$I(0, 0) = I_0, \quad (4.9)$$

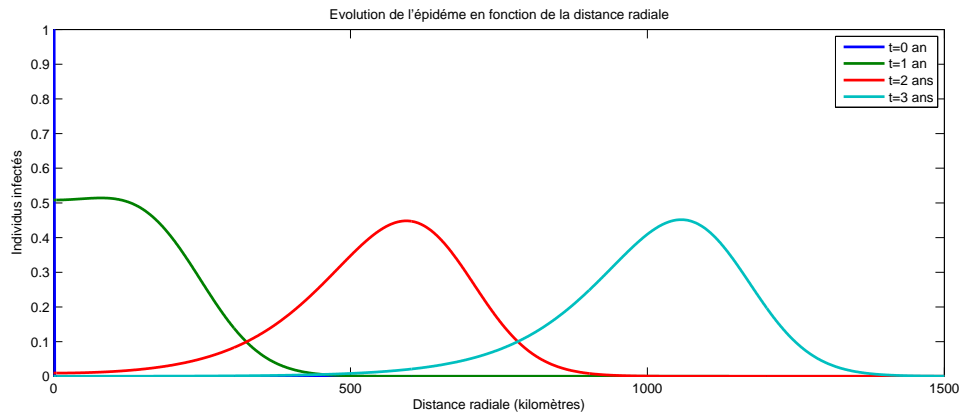
$$R(0, r) = R_0 \quad \forall r \geq 0, \quad (4.10)$$

où  $d^*$  est petit,  $S_0$  et  $R_0$  sont positifs et la quantité  $I_0$  est strictement positive. Avec ces conditions, nous imposons que l'épidémie est concentrée près de l'origine dans les premiers instants et que la population saine est répartie uniformément dans l'espace.

Ce modèle peut être intégré numériquement, nous obtenons tout d'abord les nombres d'individus sains et infectés en fonction de la distance qui les sépare de l'origine de l'épidémie, et cela pour plusieurs temps différents. Nous obtenons ainsi les FIGURES 4.1a et 4.1b.



(a) Individus sains



(b) Individus infectés

FIGURE 4.1 – Modèle  $SIR$  avec propagation des individus : distance

Nous observons deux phases dans la diffusion de l'épidémie. Pour commencer, une phase d'initialisation où les individus proches de l'origine sont infectés. Ensuite, nous remarquons une vague qui s'éloigne de l'origine mais qui semble garder la même forme. Nous calculons plus loin dans cette section les conditions pour que l'épidémie se propage comme une vague, ainsi que sa vitesse.

Une deuxième représentation possible est de se fixer à un endroit et de voir l'évolution de la population en ce lieu en fonction du temps comme illustré à la FIGURE 4.2.

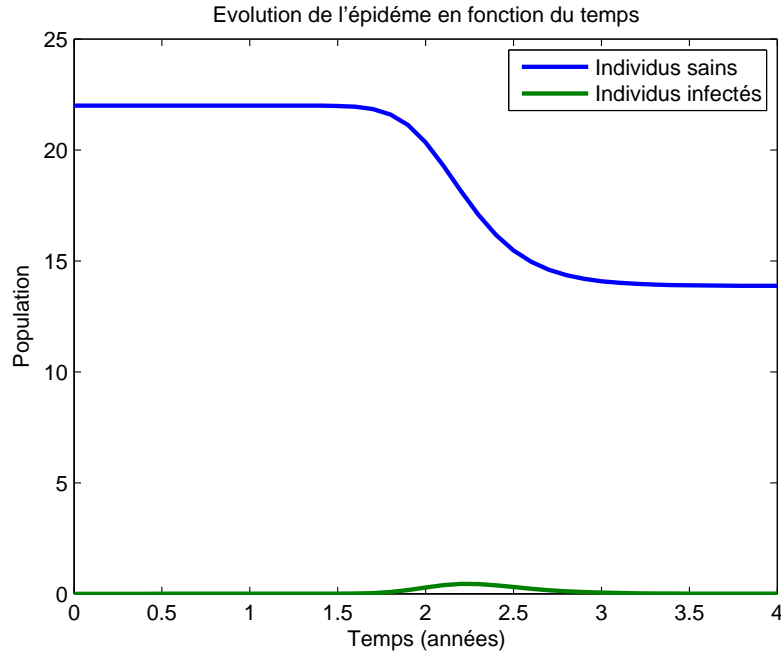


FIGURE 4.2 – Modèle *SIR* avec propagation des individus : temps

Les intégrations numériques ont été effectuées pour une distance de 1500 kilomètres. Les paramètres utilisés sont :

- taux de guérison,  $\mu = 25$ ,
- taux de contamination,  $\beta = 1.443$ ,
- coefficient de diffusion spatiale,  $D = 8.1 \cdot 10^3$ .

Ces paramètres sont des approximations pour l'épidémie de peste noire qui a parcouru l'Europe de 1347 à 1350. La peste a commencé en Italie et a progressivement avancé vers le nord. Nous revenons sur cet exemple dans la section 4.1.3.

Nous constatons ici que la population est constituée uniquement d'individus sains dans les deux premières années. Suit ensuite une période où des individus infectés sont présents, le nombre d'individus sains va alors diminuer. Finalement, l'épidémie s'arrête et le nombre d'individus sains est constant. La phase intermédiaire correspond au passage de la vague épidémique.

Ainsi, une épidémie peut durer plusieurs années mais se déplacer. Chaque lieu touché par celle-ci ne l'est que durant un laps de temps plus court que la durée de l'épidémie.

### 4.1.1 Système adimensionnel

Pour plus de facilité, nous allons réécrire le système (4.1)-(4.3) dans de nouvelles variables,

$$\begin{aligned} I^* &= \frac{I}{S_0}, & S^* &= \frac{S}{S_0}, & r^* &= \left( \frac{\beta S_0}{D} \right)^{\frac{1}{2}}, \\ t^* &= \beta S_0 t, & \lambda &= \frac{a}{\beta S_0}. \end{aligned}$$

Pour une meilleure lisibilité, nous ne notons pas les astérisques dans la suite de la section. Nous obtenons donc le système sans dimension suivant,

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -SI + \frac{\partial^2 S}{\partial r^2}, \quad (4.11)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = SI - \lambda I + \frac{\partial^2 I}{\partial r^2}, \quad (4.12)$$

$$\frac{\partial R}{\partial t} = \lambda I + \frac{\partial^2 R}{\partial r^2}. \quad (4.13)$$

Nous n'avons plus qu'un seul paramètre,  $\lambda$ , pour l'ensemble du système. Remarquons que les conditions initiales (4.7)-(4.10) ont également changé.

Nous supposons que le nombre total d'individus dans la population,  $N$ , ne change pas. Nous pouvons ainsi déterminer le nombre d'individus rétablis  $R$  à partir des nombres d'individus sains,  $S$ , et infectés,  $I$ . Considérer les deux premières équations du système suffit donc pour en déterminer le comportement. Pour la suite de cette section, nous ne considérons donc que les équations (4.11) et (4.12).

### 4.1.2 Vague épidémique

Avec le système (4.11)-(4.12), nous pouvons déterminer les conditions pour obtenir une vague d'épidémie qui se déplace dans l'espace. Nous allons également pouvoir déterminer la vitesse de propagation de l'épidémie.

Pour commencer, nous devons trouver une méthode pour déterminer la position du front épidémique. Nous utilisons la fonction suivante,

$$p(\delta, t) = \sup\{r > 0 : [S_0 - S(t, r)]^2 + I^2(t, r) > \delta^2\}. \quad (4.14)$$

La fonction  $p$  correspond à la borne supérieure de l'ensemble des rayons respectant,

$$[S_0 - S(t, r)]^2 + I^2(t, r) > \delta^2,$$

ce qui correspond à l'ensemble des lieux déjà touchés par l'infection. En utilisant la fonction  $p$ , nous déterminons donc le lieu le plus distant de l'épicentre où l'infection s'est déjà propagée.

Si nous considérons  $\delta$  comme petit, se situer au front de l'épidémie implique que la très grande majorité de individus sont sains, nous pouvons donc faire les approximations suivantes,

$$S(t, p) = 1,$$

$$I(t, p) = 0,$$

ce qui correspond aux conditions initiales dans les nouvelles variables.

Par ailleurs, en supposant que l'épidémie se propage sous forme d'une vague, comme illustré à la FIGURE 4.2, nous posons,

$$S(t, r) = S(z), \tag{4.15}$$

$$I(t, r) = I(z), \tag{4.16}$$

$$\tag{4.17}$$

avec  $z = r + ct$ . La variable  $c$  correspond à la vitesse de la vague épidémique.

Les équations (4.11)-(4.12) deviennent donc,

$$-cS' = -SI + S'', \tag{4.18}$$

$$-cI' = (S - \lambda)I + I'', \tag{4.19}$$

où le prime (') dénote une dérivée en fonction de  $z$ .

En utilisant l'équation (4.12) et la condition (4.16), nous obtenons,

$$-cI' = (1 - \lambda)I + I'', \tag{4.20}$$

que nous pouvons résoudre en utilisant l'équation caractéristique. Ainsi,

$$x^2 + cx + (1 - \lambda) = 0.$$

Ce qui nous donne,

$$\gamma = \frac{-c \pm \sqrt{c^2 - 4(\lambda - 1)}}{2}.$$

La solution est donc de la forme,

$$I(z) = e^{\gamma z}.$$

La condition pour avoir une vague épidémique non-périodique est donc,

$$c \geq 2\sqrt{1 - \lambda},$$

avec  $\lambda < 1$ .

Si  $\lambda > 1$ , il n'y a pas de vague d'épidémie. Dans les variables de départ, cela revient à,

$$\lambda = \frac{\mu}{\beta S_0} > 1. \quad (4.21)$$

En supposant que la majorité de la population est saine ( $S_0 \approx N$ ) nous avons,

$$\mathcal{R}_0 \equiv \frac{\beta N}{\mu} < 1. \quad (4.22)$$

Nous avons ici la même condition que pour le modèle *SIR* classique du chapitre 2.

La vitesse minimale de la vague est donc,

$$c = 2\sqrt{1 - \lambda}.$$

Dans les variables de départ, nous obtenons :

$$V = 2\sqrt{\frac{\beta S_0}{D}} \left[ 1 - \frac{\mu}{\beta S_0} \right]^{\frac{1}{2}}.$$

### 4.1.3 Illustration : la peste noire

Nous allons ici montrer comment notre modèle *SIR* avec propagation des individus peut être appliqué à des données historiques. Nous nous intéressons donc à la peste noire qui a traversé l'Europe au XIVe siècle. L'évolution de la vague épidémique est représentée à la FIGURE 4.3.

En Europe, l'épidémie a commencé en Italie et s'est propagée vers le nord. Nous pouvons observer que la peste n'a pas touché toute la population européenne au même moment. Le front de l'épidémie a avancé dans une seule direction, notre modèle en une dimension peut donc être appliqué. Nous pouvons en déterminer les paramètres. La densité de population en Europe au XIVe siècle est de 22 individus au kilomètre carré. En supposant que la période d'infection est approximativement de deux semaines, nous pouvons estimer le taux de contamination,  $a \approx 25$ .

Grâce aux données historiques, nous pouvons également déterminer que la vitesse de l'épidémie est de l'ordre de 450 kilomètres par an. Le coefficient de diffusion et le taux de contamination sont choisis à partir de la source [4]. Ainsi,  $D = 8.7 \cdot 10^3$  kilomètres carrés par an et  $\mu = 1.4$  kilomètres carrés par an.



FIGURE 4.3 – Données historiques sur la propagation de la peste [8]

Les simulations numériques des FIGURES 4.1a, 4.1b et 4.2 ont été réalisées à partir des approximations ci-dessus. Nous pouvons constater qu’une vague d’épidémie avance bien dans l’espace. Si nous évaluons la vitesse de propagation avec l’équation (4.1.2), nous obtenons  $V = 484.5212$  kilomètres par an. Ce résultat est proche des données empiriques.

Remarquons que nous n’avons pas vérifié toutes les hypothèses de notre modèle avant de l’appliquer. La peste étant bubonique, elle ne se transmet pas d’individu en individu. Nous observons l’épidémie globalement et sur une longue période, l’hypothèse du mode de transmission n’a peut-être pas beaucoup d’incidence sur les résultats. Cependant, un modèle qui prend en compte la transmission de la maladie par des agents infectieux, tels que des rats ou des puces, est présenté dans la section suivante.

## 4.2 Propagation par des agents infectieux

Cette section est inspirée de l'article [13].

Une solution pour modéliser la propagation d'une épidémie est d'introduire des agents infectieux. Ainsi, l'infection ne se transmet plus uniquement d'individu à individu mais également via les agents infectieux. Notons la concentration d'agents infectieux  $A$ ; cette valeur est évidemment amenée à varier au cours du temps. Le modèle  $SIR$  classique peut maintenant être reformulé pour donner le modèle  $SIR-A$ ,

$$\frac{d\hat{S}}{d\hat{t}} = -\hat{S} \left( \hat{\beta}_I \hat{I} + \hat{\beta}_A \hat{A} \right), \quad (4.23)$$

$$\frac{d\hat{I}}{d\hat{t}} = \hat{S} \left( \hat{\beta}_I \hat{I} + \hat{\beta}_A \hat{A} \right) - \hat{\mu} \hat{I}, \quad (4.24)$$

$$\frac{d\hat{R}}{d\hat{t}} = \hat{\mu} \hat{I}, \quad (4.25)$$

où,

- $\hat{\beta}_I$  est le taux d'infection causée par les individus infectés,
- $\hat{\beta}_A$  est le taux d'infection causée uniquement par les agents infectieux,
- $\hat{\mu}$  est le taux de guérison.

Nous prenons les conditions initiales suivantes,

$$\hat{S}(\hat{t} = 0) = \hat{S}_0, \quad (4.26)$$

$$\hat{I}(\hat{t} = 0) = 0, \quad (4.27)$$

$$\hat{R}(\hat{t} = 0) = \hat{R}_0. \quad (4.28)$$

Ce modèle étant amené à changer, nous avons noté tous les paramètres avec des accents circonflexes.

Notons déjà que l'épidémie démarre avec l'apparition d'agents infectieux et non plus avec un individu infecté comme le suggère la condition (4.27). L'évolution de la concentration  $A(t)$  reste à déterminer. Pour cela, nous considérons que les agents infectieux apparaissent à un endroit précis, pas dans une zone. Ainsi, nous utilisons la fonction  $\delta$  de Dirac pour définir la condition initiale,

$$\hat{A}(\hat{t} = 0) = \hat{A}_0 \delta(\hat{r}). \quad (4.29)$$

Nous supposons que les agents infectieux se propagent dans toutes les directions de manière symétrique. Cela nous permet de passer à des coordonnées polaires et de définir  $\hat{r}$  comme la distance radiale par rapport au centre de l'épidémie, i.e. le lieu où l'agent infectieux est apparu. Supposons également que la concentration  $\hat{A}(t)$  va



diminuer selon un taux  $\hat{\gamma}$ . Nous définissons alors l'évolution de la concentration  $\hat{A}(t)$  en utilisant un Laplacien en coordonnées polaires, pour  $n \leq 2$ ,

$$\frac{d\hat{A}}{dt} = \hat{D} \left( \frac{\partial^2 \hat{A}}{\partial \hat{r}^2} + \frac{n-1}{\hat{r}} \frac{\partial \hat{A}}{\partial \hat{r}} \right) - \hat{\gamma} \hat{A}, \quad (4.30)$$

où,

- $\hat{D}$  est le taux de diffusion des agents infectieux,
- $\hat{\mu}$  est le taux de disparition des agents infectieux,
- $n$  le nombre de dimensions utilisées.

Nous nous restreindrons aux cas  $n = 1$  et  $n = 2$ . Notons cependant qu'une généralisation est possible en compliquant le terme de diffusion. Ainsi, la propagation dans l'espace de l'infection se fera uniquement via de la dispersion des agents infectieux. Les individus sains, infectés et guéris ne se déplacent pas.

Le modèle *SIR-A* composé des équations (4.23)-(4.25) et (4.30) peut être réécrit à l'aide d'un changement de variables. Considérons donc les nouvelles variables suivantes,

$$\begin{aligned} S &= \hat{S} \frac{\hat{\beta}_I}{\hat{\mu}}, & A &= \hat{A} \frac{\hat{\beta}_A}{\hat{\mu}}, \\ I &= \hat{I} \frac{\hat{\beta}_I}{\hat{\mu}}, & t &= \hat{t} \hat{\mu}, \\ R &= \hat{R} \frac{\hat{\beta}_I}{\hat{\mu}}, & r &= \hat{r} \sqrt{\frac{\hat{\mu}}{\hat{D}}}. \end{aligned}$$

Notre modèle *SIR-A* prend donc la forme suivante,

$$\dot{\hat{S}} = -\hat{S}(\hat{I} + \hat{A}), \quad (4.31)$$

$$\dot{\hat{I}} = \hat{S}(\hat{I} + \hat{A}) - \hat{I}, \quad (4.32)$$

$$\dot{\hat{R}} = \hat{I}, \quad (4.33)$$

$$\dot{\hat{A}} = \left( \frac{\partial^2 \hat{A}}{\partial r^2} + \frac{n-1}{r} \frac{\partial \hat{A}}{\partial r} \right) - \gamma \hat{A}, \quad (4.34)$$

où  $\gamma = \frac{\hat{\gamma}}{\hat{\mu}}$ .

Les conditions initiales (4.26)-(4.28) deviennent :

$$S(t=0, r) = S_0, \quad (4.35)$$

$$I(t=0, r) = 0, \quad (4.36)$$

$$R(t=0, r) = R_0, \quad (4.37)$$

$$A(t=0, r) = A_0 \delta(r), \quad (4.38)$$

avec,

$$\begin{aligned} S(t=0, r) &= \hat{S}_0 \frac{\hat{\beta}_I}{\hat{\mu}}, \\ R(t=0, r) &= \hat{R}_0 \frac{\hat{\beta}_I}{\hat{\mu}}, \\ A(t=0, r) &= \hat{A}_0 \hat{\beta}_A \hat{\mu}^{(n-2)/2} \hat{D}^{-n/2}. \end{aligned}$$

Les conditions sur le nombre d'individus au temps initial ne dépendent pas de la position. Nous supposons donc que l'ensemble de la population est répartie uniformément dans l'espace.

Nous savons que la propagation dans l'espace se fait exclusivement à partir des agents infectieux (4.34). De plus, l'évolution du nombre d'agents infectieux ne dépend pas du reste de la population. Il est donc possible de résoudre cette équation séparément pour avoir une expression analytique de la propagation. Par l'annexe C, nous obtenons l'équation suivante,

$$A(t, r) = A_0 (4\pi t)^{-\frac{n}{2}} e^{-\gamma t} e^{\frac{r^2}{4t}}. \quad (4.39)$$

Nous pouvons une idée de l'évolution des agents infectieux à la FIGURE 4.4.

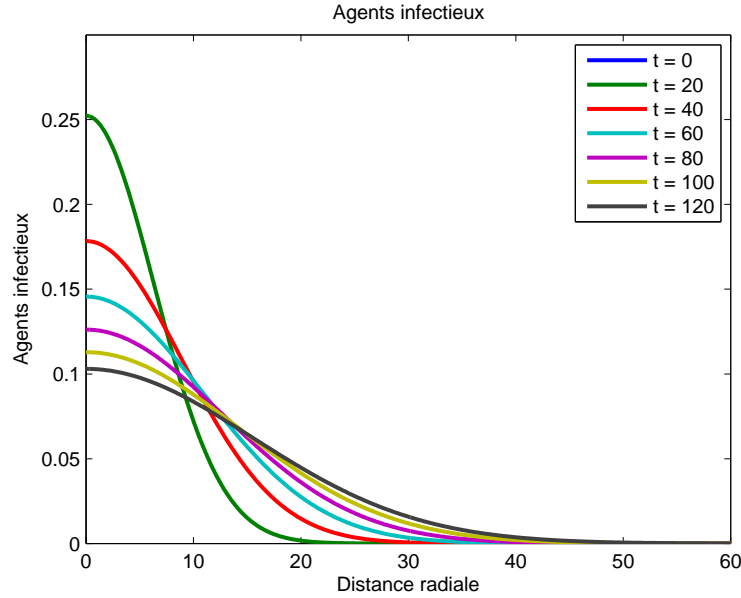
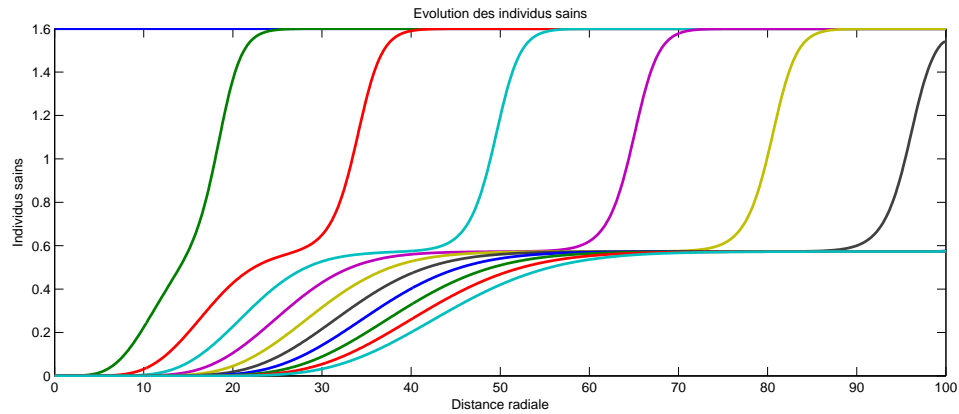


FIGURE 4.4 – Répartition des agents infectieux

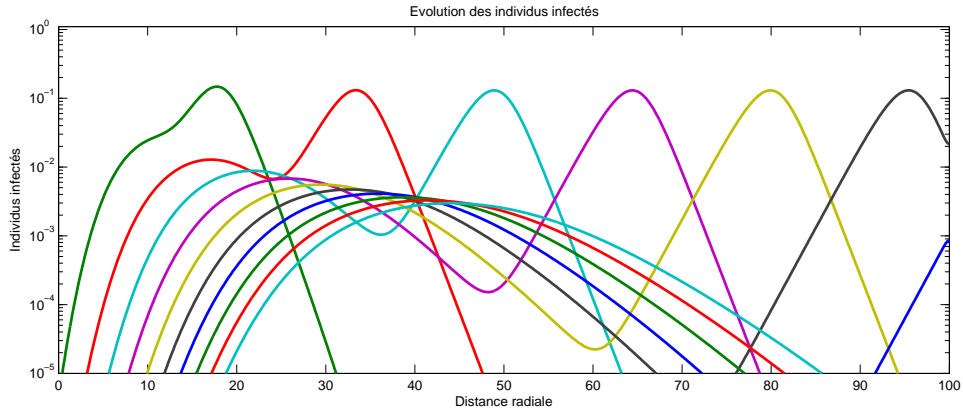
Au temps initial, l'ensemble des agents infectieux est concentré à l'origine, nous ne pouvons donc pas les observer sur la figure. Nous remarquons qu'au fil du temps, il

Il y a de moins en moins d'individus près de l'origine. Les agents infectieux se déplacent dans l'espace.

Pour avoir une idée de l'évolution du nombre d'individus dans la population, nous réalisons une intégration numérique. L'intervention de la composante spatiale nous permet de représenter les résultats de deux manières, soit nous fixons un endroit et regardons l'évolution au cours du temps, soit nous analysons l'ensemble de l'espace à un instant donné. Les FIGURES suivantes reprennent les deux représentations possibles. Nous utilisons les valeurs suivantes pour les intégrations numériques :  $\gamma = 1$ ,  $A_0 = 4$  et  $S_0 = 1.6$ . De plus, nous considérons  $n = 2$ .



(a) Individus sains



(b) Individus infectés

FIGURE 4.5 – Modèle *SIR-A* avec propagation des agents : distance radiale

Sur les FIGURES 4.5a et 4.5b, nous pouvons analyser l'évolution du nombre d'individus sains et infectés. Les couleurs correspondent à des moments différents, la variable  $t$  est à chaque fois augmentée de 20. Nous remarquons, tout d'abord, que

l'épidémie se propage dans l'espace sous forme de vague, comme pour le modèle avec propagation des individus. La différence la plus marquante entre les modèles étant que nous avons ici la formation de deux vagues. Nous remarquons finalement que tous les individus ont été infectés.

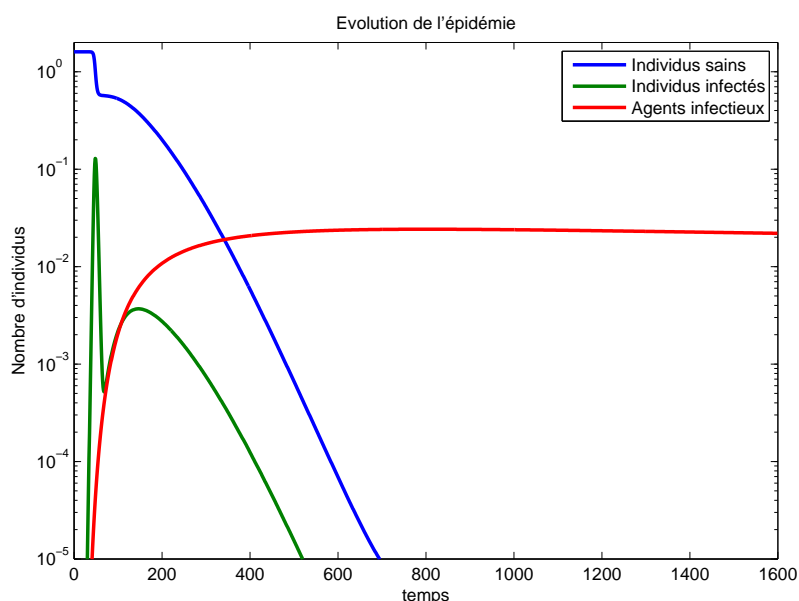


FIGURE 4.6 – Modèle *SIR-A* avec propagation des agents : temps

La présence de deux vagues épidémiques successives est encore plus marquée sur la FIGURE 4.6. Nous constatons que la première vague se forme lorsqu'il y a beaucoup d'individus sains et peu d'agents infectieux. Nous observons également que les nombres d'individus sains et infectés diminuent exponentiellement alors que le nombre d'agents infectieux semble constant à partir d'un certain moment.

En analysant l'équation (4.32), nous comprenons intuitivement l'évolution du modèle. Avec une valeur de  $S$  élevée, le nombre  $I$  va augmenter même s'il y a peu d'individus infectés ou d'agents infectieux. Le nombre d'individus sains étant plus grand au temps initial, nous avons une condition pour le déclenchement d'une épidémie à cause des individus infectés,  $S_0 > 1$ . En effet, nous avons précédemment remarqué que le nombre d'individus infectés n'influence pas le déclenchement d'une épidémie pour le modèle *SIR*. Ainsi, lorsqu'un petit nombre d'agents infectieux atteint une population saine, quelques individus sont infectés et ce sont eux qui déclenchent la première phase de l'épidémie.

Cependant, après un certain temps, il est possible que le nombre d'individus sains devienne petit et que l'épidémie ralentisse, la présence d'agents infectieux va alors

avoir un impact important sur la suite de l'épidémie. En effet, si  $S < 1$ ,  $I$  ne peut augmenter que si  $A$  est grand. La deuxième vague d'épidémie se produit donc lorsqu'il y a suffisamment d'agents infectieux. Ainsi, pour avoir deux vagues distinctes, il est impératif d'avoir  $S_0 > 1$  et que les agents infectieux ne se diffusent pas trop vite.

### 4.2.1 Illustration : la grippe H1N1

Le modèle  $SIR-A$  entraîne la formation de deux vagues épidémiques. Ce résultat peut paraître surprenant mais nous le retrouvons dans des cas réels. Nous pouvons, par exemple, regarder l'évolution de la grippe H1N1 en Californie entre avril 2009 et août 2010, FIGURE 4.7.

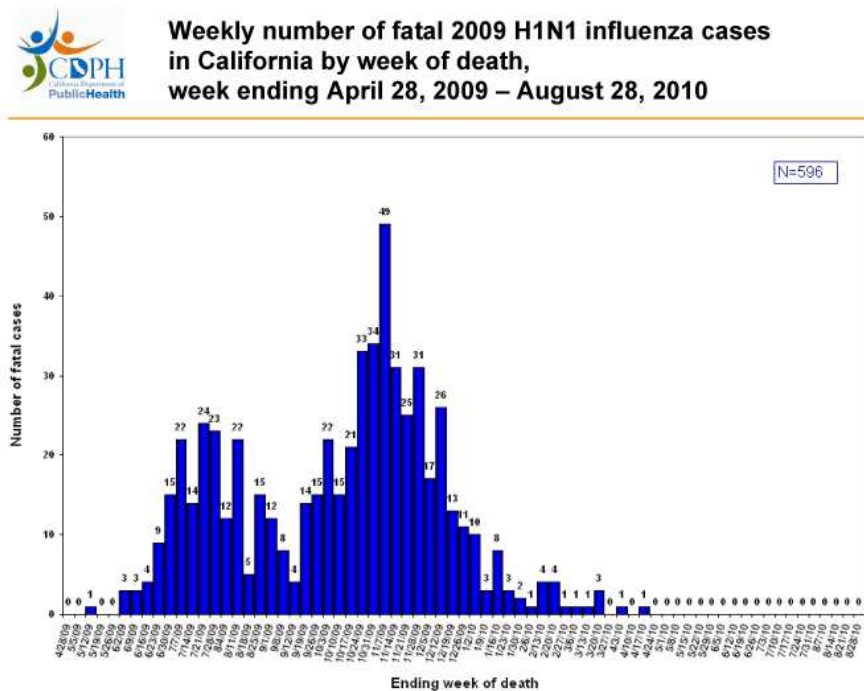


FIGURE 4.7 – Évolution de l'épidémie de grippe H1N1 en Californie [3]

Nous constatons qu'il y a deux vagues de décès, nous pouvons donc supposer qu'il y a eu deux vagues épidémiques. La grippe H1N1 s'est effectivement propagée par les animaux, principalement les oiseaux migrateurs, mais peut également être transmise d'individu à individu. Notons cependant que la propagation par les agents infectieux n'est pas la seule explication possible à ce phénomène. Néanmoins, l'usage du modèle avec propagation des agents infectieux à la place des individus semble plus adapté. Remarquons, finalement, qu'une étude plus poussée des données est nécessaire pour analyser son évolution, nous ne nous intéressons ici qu'à un comportement global.

Dans ce chapitre, nous avons analysé deux modèles épidémiologiques totalement différents. La diffusion des individus semble plus intuitive et montre la formation d'une vague épidémique comme dans la plupart des épidémies. Cependant, il n'est pas assez fin, l'utilisation d'agents infectieux est plus réaliste et met en évidence la formation de deux vagues épidémiques. Notons que lors d'épidémie de grande envergure, des moyens de prévention sont mis en place, ce dont nous n'avons pas tenu compte ici.

# Conclusion

La modélisation d'épidémies peut se faire à l'aide de modèles à compartiments. Les hypothèses de base pour leur réalisation peuvent sembler contraignantes avec l'utilisation d'une population homogène. Cependant, cette méthode permet une analyse simple de l'évolution du phénomène. Les résultats que fournissent ces modèles sont extrêmement bons comme nous l'avons vu sur des illustrations.

L'utilisation de trois compartiments dans le célèbre modèle *SIR*, ou modèle de Kermack-McKendrick, permet de mettre en avant des phénomènes très intéressants sur l'évolution d'une épidémie, comme le fait que le nombre initial d'individus infectés n'influence ni le déroulement d'une épidémie, ni sa finalité.

À partir de ce modèle, il est possible de simuler toutes les interventions humaines en ajoutant des compartiments ou en modifiant les conditions initiales. Il est également facile de tenir compte du temps d'incubation des maladies. Néanmoins, un compartiment supplémentaire peut augmenter la complexité du système qui devient alors plus précis mais moins facile à utiliser.

Finalement, la dernière amélioration que nous avons appliquée au modèle de Kermack-McKendrick est une propagation dans l'espace. Pour ce faire, il est possible de modéliser le déplacement des individus sains ou infectés. Une autre approche possible est de considérer les agents infectieux et de simuler leur diffusion. Ces deux méthodes entraînent la formation d'une ou deux vagues épidémiques qui se déplacent au cours du temps.

# Bibliographie

- [1] B. BLASIUŠ, J. KURTHS et L. STONE – « Complex population dynamics : Nonlinear modeling in ecology, epidemiology and genetics », World Scientific Lecture Notes in Complex Systems, vol. 7, ch. 7, World Scientific Lecture Notes in Complex Systems, World Scientific, 2007.
- [2] F. BRAUER et C. CASTILLO-CHAVEZ – « Mathematics models in population biology and epidemiology », ch. 9, Springer, second éd., 2001.
- [3] California Department of Public Health – *H1n1 influenza*, [http ://www.cdph.ca.gov/data/statistics/Pages/h1n1graphs.aspx](http://www.cdph.ca.gov/data/statistics/Pages/h1n1graphs.aspx), consulté le 01 mai 2014.
- [4] E. DELEERSNIJDER et D. DOCHAIN – *Ecologie mathématique* - LMAPR2510, Université catholique de louvain, 2012-2013.
- [5] P. V. DEN DRIESSCHE et J. WATMOUGH – *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission*, 2002.
- [6] H. W. HETHCOTE – « The mathematics of infectious diseases », *Siam revieww* **Vol. 42** (2000), no. 4, p. 599–653.
- [7] MATLAB – *Documentation center*, [http ://www.mathworks.nl/help/matlab/ref/ode45.html](http://www.mathworks.nl/help/matlab/ref/ode45.html), consulté le 10 avril 2013.
- [8] Middle Ages!! – *The black plague*, [http ://jenkinsmiddleages.weebly.com/the-black-plague.html](http://jenkinsmiddleages.weebly.com/the-black-plague.html), consulté le 05 mai 2014.
- [9] J. D. MURRAY – « Mathematical biology ii : Spatial models and biomedical applications », *Interdisciplinary Applied Mathematics*, vol. 18, ch. 10, *Interdisciplinary Applied Mathematics*, Springer, 2003.
- [10] N. PERRA, D. BALCAN, B. GONÇALVES et A. VESPIGNANI – « Towards a characterization of behavior-disease models », *PLoS ONE* **Vol. 6** (August 2011), no. 8.
- [11] épidémiologie – *Larousse*, [http ://www.larousse.fr/dictionnaires/francais/](http://www.larousse.fr/dictionnaires/francais/) consulté le 19 mai 2014.
- [12] Portail belgium.be – *Informations et services officiels*, février 2011, [http ://www.belgium.be/fr/actualites/2011/news\\_esperance-de-vie-belge.jsp](http://www.belgium.be/fr/actualites/2011/news_esperance-de-vie-belge.jsp), consulté le 4 avril 2013.



- [13] T. RELUGA – *A two-phase epidemic driven by diffusion*, Université de Washington, Mars 2004.
- [14] G. SALLET –  $\mathcal{R}_0$ , EPICASA09, April 2010, INRIA & IRD.
- [15] D. SULSKY – *Using real data in an sir model*, University of New Mexico, June 21, 2012.
- [16] Z. I. WOZNICKI – « Matrix splitting principles », *Novi Sad* **Vol. 28** (1998), no. 3, p. 197–209.

# Annexes

## A Données sur Eyam

L'épidémie de peste à Eyam a duré de septembre 1665 à juin 1666. Durant cette période, il y a eu deux vagues d'épidémie. La population de départ du village était de 350 habitants, 89 d'entre eux sont morts lors de la première vague comme détaillé dans la table A.1.

1665	Septembre	6 morts
	Octobre	23 morts
	Novembre	7 morts
	Décembre	9 morts
1666	Janvier	5 morts
	Février	8 morts
	Mars	6 morts
	Avril	9 morts
	Mai	4 morts

TABLE A.1 – Morts lors de la première vague de peste à Eyam

La seconde vague de l'épidémie a commencé en mai 1666, la table A.2 reprend le nombre de morts. Il n'y avait alors plus que 261 individus sains dans la population.

1666	Juin	19 morts
	Juillet	56 morts
	Août	77 morts
	Septembre	24 morts
	Octobre	14 morts

TABLE A.2 – Morts lors de la deuxième vague de peste à Eyam

Raggett est le premier à utiliser les données de Eyam sur un modèle d'épidémie. Il considère alors que l'épidémie avait commencé le 16 juin. Il prend ainsi des périodes de 15.5 jours et fait des moyennes sur les données pour obtenir la table A.3 qui reprend le nombre de décès sur des périodes de 15.5 jours.

Période (1666)	Décès	R
19 Juin - 3/4 Juillet	11.5	11.5
3/4 Juillet - 19 Juillet	26.5	38
19 Juillet - 3/4 Août	40.5	78.5
3/4 Août - 19 Août	41.5	120
19 Août - 3/4 Septembre	25	145
3/4 Septembre - 19 Septembre	11	156
19 Septembre - 4/5 Octobre	11.5	167.5
4/5 Octobre - 20 Octobre	10.5	178

TABLE A.3 – Décès par période et cumulatifs pour l'épidémie de peste à Eyam

La table A.3 lui permet de estimer le nombre de personnes saines et infectées tout au long de l'épidémie. Il suppose que la population est constante. Au début de la deuxième vague d'épidémie, celle-ci était de 261 individus. De plus, la peste a une période d'incubation de 6 jours au maximum et la durée de la maladie est de 5.5 jours. La durée totale de l'infection peut donc être estimée à 11 jours. Cela permet de déterminer le nombre d'individus infectés tous les 15.5 jours en regardant les données de la période suivante. Il obtient alors la table A.4.

Date (1666)	S	I
19 Juin	254	7
3/4 Juillet	235	14.5
19 Juillet	201	22
3/4 Août	153.5	29
19 Août	121	21
3/4 Septembre	108	8
19 Septembre	97	8
4/5 Octobre	inconnu	inconnu
20 Octobre	83	0

TABLE A.4 – Données estimées concernant l'épidémie de peste à Eyam

La table A.4 est utilisée comme illustration dans la section 2.7.

## B Stabilité par rapport à $\mathcal{R}_0$

**Définition B.1.** Soit une matrice de Metzler  $A$ . On appelle décomposition régulière de  $A$  toute décomposition de la forme

$$A = M - N, \quad (\text{B.40})$$

où  $M \geq 0$  et  $N$  est une matrice inversible avec  $N^{-1} \geq 0$ .

L'énoncé suivant est l'un des théorème de Varga[16].

**Théorème B.1.** Soit  $A = M - N$ , une décomposition régulière de  $A$ . Nous avons alors l'équivalence suivante,

$$\rho(MN^{-1}) < 1 \iff A \text{ asymptotiquement stable.} \quad (\text{B.41})$$

**Proposition B.1.** Le système 3.2 est asymptotiquement stable, au sens de Lyapunov, au point d'équilibre trivial sans individu infecté,  $x_0 \in X_S$ , si  $\mathcal{R}_0 < 1$  et instable si  $\mathcal{R}_0 > 1$ .

*Démonstration.* Pour obtenir la stabilité asymptotique, au sens de Lyapunov, nous devons avoir que les valeurs propres de la matrice jacobienne  $J_f(x_0)$  aient toutes une partie réelle négative. Rappelons-là, avec l'équation 3.5,

$$J_f(x) = \begin{pmatrix} F - V & 0 \\ -J_3 & -J_4 \end{pmatrix}.$$

Cette matrice étant triangulaire par blocs, ses valeurs propres sont celles de  $F - V$  et  $-J_4$ . Nous savons, par la proposition 3.5, que toutes les valeurs propres de  $\mathcal{F}(x) = 0$ , et donc de  $-J_4$ , sont à partie réelle strictement négative dans le cas où  $\mathcal{F}(x) = 0$ . Par ailleurs, la partie de la matrice jacobienne correspondant à  $-J_4$  ne change pas si  $\mathcal{F}(x) = 0$ . La proposition 3.5 entraîne donc que les valeurs propres de  $-J_4$  sont à partie réelle strictement négative.

Posons  $J_1 = F - V$ . Nous savons que  $F \geq 0$  (3.4), nous avons également que  $V$  est une M-matrice non-singulière et donc  $V^{-1} \geq 0$ . Nous avons ainsi que  $F - V$  est une décomposition régulière de  $J_1$ .

Montrons que la plus grande partie réelle des valeurs de  $J_1$  est négative, ainsi toutes ses valeurs propres seront bien à partie réelle négative. Pour cela, nous utilisons le module de stabilité de  $J_1$ ,

$$\alpha(J_1) = \max_{\lambda \in Sp(J_1)} \Re(\lambda).$$

Nous cherchons donc à montrer que,

$$\alpha(J_1) < 0.$$

Par le théorème B.1, cette condition est équivalente à

$$\rho(FV^{-1}) < 1.$$

Toutes les valeurs propres de  $J_f(x_0)$  ont une partie réelle négative si  $\rho(FV^{-1}) < 1$ . Nous pouvons donc conclure que le système 3.2 est asymptotiquement stable au point d'équilibre  $x_0 \in X_S$  si  $\rho(FV^{-1}) = \mathcal{R}_0 < 1$ . La deuxième partie de la proposition découle directement de ce résultat.

□

## C Diffusion des agents infectieux

Nous allons ici résoudre l'équation aux dérivées partielles relative à la propagation des agents infectieux, donnée par l'équation 4.34.

Équation de départ :

$$u_t = u_{xx} + \frac{n-1}{x}u_x - \gamma u. \quad (\text{C.42})$$

Changement de variables :

$$(x, t) \longrightarrow (y, s),$$

tel que

$$y(x, t) = x^a t^b, \quad (\text{C.43})$$

$$s(x, t) = t, \quad (\text{C.44})$$

où  $a$  et  $b$  sont à déterminer.

Nous avons donc

$$\begin{aligned} y_x &= ax^{a-1}t^b, \\ y_t &= bx^a t^{b-1}, \\ y_{xx} &= a(a-1)x^{a-2}t^b. \end{aligned}$$

Dès lors, nous pouvons réécrire les termes de l'équation (C.42) :

$$\begin{aligned} u_x &= w_y y_x + w_s s_x \\ &= w_y \frac{a}{x} y, \\ u_{xx} &= w_{yy} \left( \frac{a}{x} y \right)^2 + w_y \frac{a}{x} y_x - w_y \frac{a}{x^2} y \\ &= w_{yy} \frac{a^2}{x^2} y^2 + w_y \left[ \frac{a^2}{x^2} y - \frac{a}{x^2} y \right] \\ &= w_{yy} \frac{a^2}{x^2} y^2 + w_y \frac{a}{x^2} y (a-1), \\ u_t &= w_y y_t + w_s s_t \\ &= w_y \frac{b}{t} y + w_s. \end{aligned}$$

L'équation de départ devient alors

$$w_y \frac{b}{t} y + w_s = w_{yy} \frac{a^2}{x^2} y^2 + w_y \frac{a}{x^2} y (a-1) + \frac{n-1}{x} w_y \frac{a}{x} y - \gamma w.$$

De plus, nous savons que  $s = t$ . D'où

$$w_s + \gamma w = w_{yy} \frac{a^2}{x^2} y^2 + w_y \left[ \frac{a}{x^2} y(a-1) + \frac{n-1}{x^2} ay - \frac{b}{t} y \right].$$

Nous choisissons maintenant les valeurs de  $a$  et  $b$ . Nous allons prendre  $a$  tel que

$$\begin{aligned} \frac{a}{x^2} y(a-1) - a \frac{y}{x^2} &= 0, \\ \frac{a}{x^2} [a(a-2)] &= 0. \end{aligned}$$

Nous avons deux possibilités. Soit  $a$  est nul, au quel cas nous n'avons plus d'équation aux dérivées partielles, soit  $a$  vaut 2. Nous fixons donc  $a = 2$ .

Nous pouvons dès lors réécrire l'équation comme

$$w_t + \gamma w = w_{yy} \frac{4}{x^2} y^2 + w_y \left( \frac{y}{x^2} 2n - \frac{b}{t} y \right).$$

De plus, par (C.43),

$$\frac{y}{x^2} = t^b,$$

puisque nous avons choisi  $a = 2$ . Nous avons donc

$$w_t + \gamma w = w_{yy} 4yt^b + w_y (t^b 2n - bt^{-1}y).$$

Notre objectif étant d'obtenir une équation aux variables séparées, nous choisissons  $b = -1$ . Nous avons donc

$$w_t + \gamma w = w_{yy} 4yt^{-1} + w_y t^{-1} (2n + y).$$

Que nous réécrivons finalement sous la forme suivante,

$$\frac{w_t + \gamma w}{t^{-1}} = w_{yy} 4y + w_y (2n + y). \quad (\text{C.45})$$

Nous pouvons maintenant résoudre cette équation à l'aide d'une méthode de séparation de variables.

Nous avons donc que  $w(y, t)$  peut se réécrire sous la forme

$$w(y, t) = F(y)T(t). \quad (\text{C.46})$$

Nous avons également les résultats suivants,

$$\begin{aligned} w_t &= F\dot{T}, \\ w_y &= F'T, \\ w_{yy} &= F''T. \end{aligned}$$



D'où, l'équation (C.45) peut se réécrire comme

$$tF\dot{T} + \gamma tFT = F''T4y + F'T(2n + y).$$

En divisant les deux côtés de cette équation par  $FT$  nous obtenons

$$\frac{t\dot{T} + \gamma tT}{T} = \frac{F''4y + F'(2n + y)}{F}.$$

Nous observons que le terme de gauche n'est fonction que de la variable  $t$  alors que le terme de droite ne dépend que de  $y$ . Ainsi, nous pouvons poser que ces deux termes sont égaux à une constante  $A$ .

Dès lors, nous obtenons le système suivant

$$t\dot{T} + \gamma tT = AT, \tag{C.47}$$

$$F''4y + F'(2n + y) = AF, \tag{C.48}$$

où  $A$  est une constante à déterminer.

Pour résoudre ce système, nous proposons une fonction  $F(y)$  de la forme

$$F(y) = e^{\alpha y},$$

où  $\alpha$  est une constante. Nous avons donc comme dérivées successives

$$F'(y) = \alpha e^{\alpha y}$$

$$F''(y) = \alpha^2 e^{\alpha y}$$

L'équation (C.48) peut être réécrite comme

$$[\alpha^2 4y + \alpha(2n + y)] e^{\alpha y} = A e^{\alpha y}$$

Par ailleurs,  $A$  ne dépend pas de  $y$ , d'où nous pouvons écrire le système suivant

$$\alpha y(4\alpha + 1) = 0,$$

$$2n\alpha = A.$$

Ainsi,

$$\alpha = -\frac{1}{4}.$$

Et donc,

$$A = -\frac{n}{2}.$$

Utilisons ce résultat dans l'équation (C.47), nous obtenons ainsi

$$t\dot{T} + \gamma tT = -\frac{n}{2}T.$$

Que nous pouvons réécrire

$$\frac{\dot{T}}{T} = -\gamma - \frac{n}{2t}.$$

Nous intégrons à présent cette équation par rapport à  $t$ ,

$$\ln |T| = -\gamma t - \frac{n}{2} \ln |t| + \ln C,$$

où  $C$  est une constante d'intégration. Notons que  $t$  est positif puisqu'il correspond au temps.

Nous obtenons la fonction  $T$  suivante

$$T = C e^{-\gamma t} t^{-\frac{n}{2}}.$$

À l'aide de l'équation (C.46), nous pouvons déterminer la fonction  $w$ ,

$$\begin{aligned} w(y, t) &= F(y)T(t) \\ &= C e^{-\gamma t} t^{-\frac{n}{2}} e^{\frac{y}{4}}. \end{aligned}$$

Si nous revenons aux variables  $(x, t)$  de départ,

$$u(x, t) = C e^{-\gamma t} t^{-\frac{n}{2}} e^{\frac{x^2}{4t}}.$$

Et si nous prenons comme constante,

$$C = (4\pi)^{-\frac{n}{2}},$$

nous obtenons alors comme résultat final,

$$u(x, t) = (4\pi t)^{-\frac{n}{2}} e^{-\gamma t} e^{\frac{x^2}{4t}}.$$

# Table des figures

1.1	Compartiments du modèle $SI$ . . . . .	3
1.2	Modèle $SI$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ . . . . .	5
1.3	Compartiments du modèle $SIS$ . . . . .	5
1.4	Modèle $SIS$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ et $a = 0.44$ . . . . .	7
1.5	Compartiments du modèle $SIR$ . . . . .	8
1.6	Modèle $SIR$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ et $a = 0.44$ . . . . .	10
1.7	Compartiments du modèle $SIRS$ . . . . .	11
1.8	Modèle $SIRS$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $b = 0.2$ et $a = 0.44$ . . . . .	13
2.1	Modèle $SIR$ : Nombre total d'individus infectés par une épidémie en fonction du taux de reproduction basique dans une population de 1000 individus. . . . .	16
2.2	Modèle $SIR$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ et $a = 0.44$ . . . . .	19
2.3	Données réelles de l'épidémie de peste à Eyam et simulation par intégration numérique du modèle $SIR$ avec les paramètres $a = 2.82$ et $r = 0.0177$ . . . . .	23
2.4	Portrait de phase du modèle $SIR$ avec $\mathcal{R}_0 = 1.640$ . . . . .	24
2.5	Compartiments du modèle $SIR$ avec natalité et mortalité . . . . .	25
2.6	Portrait de phase du modèle endémique $SIR$ avec $\mathcal{R}_0 = 3.9019$ . . . . .	28
2.7	Portrait de phase du modèle endémique $SIR$ avec $\mathcal{R}_0 = 0.3902$ . . . . .	29
3.1	Compartiments du modèle $SEIR$ . . . . .	35
3.2	Modèle $SEIR$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $c = 0.3$ et $a = 0.44$ . . . . .	37
3.3	Modèle $SIR$ et $SEIR$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $c = 0.3$ et $a = 0.44$ . . . . .	39
3.4	Compartiments du modèle $SEIRS$ . . . . .	39
3.5	Modèle $SEIRS$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $c = 0.8$ , $b = 0.4$ et $a = 0.44$ . . . . .	41
3.6	Deuxième modèle $SEIR$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $c = 0.3$ , $e = 0.1$ et $a = 0.44$ . . . . .	42
3.7	Compartiments du modèle $SITR$ . . . . .	44
3.8	Modèle $SITR$ : $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $a = 0.44$ , $b = 0.8$ , $u = 0.7$ et $c = 0.9$ . . . . .	45
3.9	Vaccination : Modèle $SIR$ avec $a = 2.82$ et $r = 0.0177$ . . . . .	47
3.10	Modèle $SIR$ avec 20% de vaccination : $a = 2.82$ et $r = 0.0177$ . . . . .	50
3.11	Modèle $SIR$ avec et sans vaccination : $a = 2.82$ et $r = 0.0177$ . . . . .	52
3.12	Compartiments du modèle $SEQIJR$ . . . . .	53
3.13	Modèle $SEQIJR$ : $a_I = 0.44$ , $a_J = 0.88$ , $r = 2.18 \cdot 10^{-3}$ , $e_E = 0.7$ , $c_E = 0.8$ , $c_Q = 0.9$ , $g_Q = 1$ et $g_J = 5$ . . . . .	54

4.1	Modèle <i>SIR</i> avec propagation des individus : distance . . . . .	58
4.2	Modèle <i>SIR</i> avec propagation des individus : temps . . . . .	59
4.3	Données historiques sur la propagation de la peste [8] . . . . .	63
4.4	Répartition des agents infectieux . . . . .	66
4.5	Modèle <i>SIR-A</i> avec propagation des agents : distance radiale . . . . .	67
4.6	Modèle <i>SIR-A</i> avec propagation des agents : temps . . . . .	68
4.7	Évolution de l'épidémie de grippe H1N1 en Californie [3] . . . . .	69

